KONZEPTION UND KONSTRUKTION NEUER MOLEKULARGENETISCHER MODELLE, FOLIEN UND COMPUTER-SIMULATIONEN

ERPROBUNG IN DER SEKUNDARSTUFE II UNTER BESONDERER BERÜCKSICHTIGUNG IHRER EFFEKTIVITÄT

Inaugural-Dissertation
zur
Erlangung des akademischen Grades eines
Doktors der Erziehungswissenschaften
genehmigt von der

Pädagogischen Fakultät der
Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

vorgelegt von
Thomas Martens
aus Lüdenscheid

1986

Digitized by the Internet Archive
in 2026

https://archive.org/details/IA41523710_0009

KONZEPTION UND KONSTRUKTION NEUER MOLEKULARGENETISCHER MODELLE, FOLIEN UND COMPUTER-SIMULATIONEN

ERPROBUNG IN DER SEKUNDARSTUFE II UNTER BESONDERER BERÜCKSICHTIGUNG IHRER EFFEKTIVITÄT

Inaugural-Dissertation
zur
Erlangung des akademischen Grades eines
Doktors der Erziehungswissenschaften
genehmigt von der

Pädagogischen Fakultät der
Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

vorgelegt von
Thomas Martens
aus Lüdenscheid

Erster Gutachter : Prof. Dr. Rüther Universität Bonn
Zweiter Gutachter: Prof. Dr. Sieger Universität Münster

Tag der mündlichen Prüfung: 11.6.1986

INHALTSVERZEICHNIS:

1. EINLEITUNG 1

1.1. AUSGANGSSITUATION 1

1.2. ZIELSETZUNG DER ARBEIT 3

2. MEDIEN IM BIOLOGIEUNTERRICHT 5

2.1. ANALYSE DES MEDIENBEGRIFFS 5

2.1.1. DER MEDIENBEGRIFF 5

2.1.2. MEDIEN UND DIDAKTIK 11

2.1.3. MEDIEN UND LEHRSYSTEME 15

2.1.4. MEDIENTAXONOMIEN 17

2.1.5. LEGITIMATION FÜR DEN MEDIENEINSATZ IM UNTERRICHT 20

2.1.6. VERGLEICHENDE UNTERSUCHUNGEN ZUM MEDIENEINSATZ IM BIOLOGIEUNTERRICHT 25

2.2. ANALYSE DES MODELLBEGRIFFS 29

2.2.1. DIE MODELLMETHODE 29

2.2.2. DER MODELLBEGRIFF 31

2.2.2.1. WISSENSCHAFTSTHEORETISCHE SYSTEMATIK DES MODELLBEGRIFFS 32

2.2.2.2. KLÄRUNG DES MODELLBEGRIFFS 34

2.2.3. EIGENSCHAFTEN VON MODELLEN 43

2.2.4. FORDERUNGEN AN MODELLE 46

2.2.5. MODELLFUNKTIONEN 47

2.3. ANALYSE DES SIMULATIONSBEGRIFFS 52

2.3.1. DER SIMULATIONSBEGRIFF 52

2.3.1.1. SYSTEMTHEORIE UND SYSTEMBEGRIFF 53

2.3.1.2. KLÄRUNG DES SIMULATIONSBEGRIFFS 55

2.3.2. EIGENSCHAFTEN VON COMPUTER-SIMULATIONEN 57

2.3.3. FORDERUNGEN AN COMPUTER-SIMULATIONEN 60

2.3.4. FUNKTIONEN VON COMPUTER-SIMULATIONEN 61

2.3.5. KURZER GESCHICHTLICHER ABRISS VON COMPUTER-SIMULATIONEN IM UNTERRICHT 64

2.3.6. BENUTZTE HARD- UND SOFTWARE 67

2.4. VORHANDENE MOLEKULARGENETISCHE MODELLE UND FILME 68

2.4.1. VORHANDENE MODELLE 68

2.4.1.1. DAS STECKPERLENMODELL 68

2.4.1.2. DNA-MODELL (SCHLÜTER) 70

2.4.1.3. DNA-MODELL (PHYWE) 72

2.4.1.4. DNA- UND PROTEINSYNTHESE-MODELL (PHYWE) 74

2.4.1.5. DNS- UND EIWEISSSYNTHESE-BAUKASTEN (MBM) 78

2.4.1.6. NUCLEINSAUREN - PROTEINBIOSYNTHESE (KLETT) .. 82

2.4.1.7. DER BIOKIT (SCHWEITZER) 86

2.4.1.8. EIWEISS-SYNTHESE-MODELL (SCHLÜTER) 90

2.4.1.9. ZUSAMMENFASSUNG 94

2.4.2. VORHANDENE FILME 98

2.4.2.1. AUFBAU DER DNA (FWU) 98

2.4.2.2. REPLIKATION DER DNS (FWU) 100

2.4.2.3. PROTEIN-BIOSYNTHESE (FWU) 101

2.4.2.4. AUFBAU UND VERDOPPLUNG DER DNS (KLETT) 103

2.4.2.5. BILDUNG EINES EIWEISSMOLEKÜLS (KLETT) 105

2.4.2.6. VOM GEN ZUM EIWEISS (IWBF) 108

2.4.2.7. ZUSAMMENFASSUNG 112

3. METHODISCHES VORGEHEN 115

3.1. KONZEPTION UND KONSTRUKTION NEUER MODELLE, FOLIEN UND COMPUTER-SIMULATIONEN ... 115

3.2. ERPROBUNGSPHASE 117

3.2.1. AUSWAHL DER STICHPROBEN 117

3.2.2. MOLEKULARGENETIK IN DER GYMNASIALEN OBERSTUFE 118

3.3. ÜBERPRÜFUNG DES LERNERFOLGS 123

4. DARSTELLUNG NEUENTWICKELTER MODELLE, FOLIEN UND COMPUTER-SIMULATIONEN 125

4.1. AUFBAU UND REPLIKATION DER DNA 126

4.1.1. DNA-AUFBAU 126

4.1.2. DARSTELLUNG DER ENERGIEREICHEN BINDUNG VON TRIPHOSPHATEN 133

4.1.3. DNA-REPLIKATION 136

4.2. TRANSKRIPTION 149

4.2.1. INITIATION DER TRANSKRIPTION 149

4.2.2. ELONGATION DER TRANSKRIPTION 154

4.2.3. TERMINATION DER TRANSKRIPTION 158

4.3. TRANSLATION 163

4.4. PROTEINBIOSYNTHESE 180

4.5. GENREGULATION 185

4.5.1. NEGATIVE KONTROLLE IM KATABOLISCHEN STOFFWECHSELS 185

4.5.2. NEGATIVE KONTROLLE IM ANABOLISCHEN STOFFWECHSELS 204

4.5.3. POSITIVE KONTROLLE IM KATABOLISCHEN STOFFWECHSELS 210

5. ERPROBUNG IM UNTERRICHT 219

5.1. DNA ALS GENETISCHES MATERIAL 219

5.2. TRANSKRIPTION 233

5.3. TRANSLATION 233

5.4. GENREGULATION 250

5.4.1. EINFÜHRUNG IN DEN KONTROLLMECHANISMUS DES LAC-OPERONS 250

5.4.2. KONTROLLMECHANISMEN IM KATA- UND ANABOLISCHEN STOFFWECHSEL 255

6. EVALUATION 256

6.1. DURCHGEFUHRTE TESTS 256

6.1.1. VORTEST 256

6.1.2. DNA-REPLIKATION 257

6.1.3. TRANSLATION 259

6.1.4. GENREGULATION 261

6.1.5. NACHTEST 264

6.2. DARSTELLUNG DER TESTERGEBNISSE 267

6.2.1. VORTEST 268

6.2.2. DNA-REPLIKATION 269

6.2.3. TRANSLATION 273

6.2.4. GENREGULATION 277

6.2.5. NACHTEST I 281

6.2.6. NACHTEST II 285

6.3. INTERPRETATION DER ERGEBNISSE 286

6.3.1. VERGLEICH: KURS (COMPUTER-SIMULATIONEN) - KURS (MODELLE UND FOLIEN) 293

6.3.2. VERGLEICH: KURS (COMPUTER-SIMULATIONEN) - KONTROLLKURS 297

6.3.3. VERGLEICH: KURS (MODELLE UND FOLIEN) - KONTROLLKURS 300

6.3.4. ZUSAMMENFASSUNG DER VERGLEICHENDEN TESTERGEBNISSE 303

7. ZUSAMMENFASSUNG 306

8. LITERATURVERZEICHNIS 308

1. EINLEITUNG

1.1. AUSGANGSSITUATION

Die Anschaffung von Computern in den 60 er Jahren diente zunächst vorwiegend als Freizeitbeschäftigung für Schüler. Allmählich entwickelte sich daraus der Informatikunterricht: Im "Arbeitskreis Computer-unterstützter Unterricht " (ACU) trafen sich ab 1971 deutsche Pädagogen und Didaktiker zu einem regelmäßigen Meinungsaustausch. Die Umbenennung in "Arbeitskreis Computer im Unterricht" (1976) war irritierend, da als Arbeitsschwerpunkt die Einführung eines Informatikunterrichts verstanden wurde.
Je weiter die Computer-Technologie fortschritt, desto vielseitiger wurden die Anwendungsgebiete und desto preiswerter die Rechner selbst.
Der Preissturz bewirkte, daß viele Lehrer und Schüler sich auch privat einen Computer anschafften. Damit waren weitere Voraussetzungen für einen Computer-Einsatz in verschiedenen Unterrichtsfächern gegeben.
Während die Computer in der Anfangsphase vielfach als "automatische Lernmaschinen" eingesetzt wurden, wurde der Rechner-Einsatz in den folgenden Jahren differenzierter betrachtet.
Für den naturwissenschaftlichen Unterricht bedeutete das: "Die Modell-Simulation und Modell-Veranschaulichung sind die Stärken des Computers als Medium in den Naturwissenschaften" (STAUDACHER 1985, S. 10).

In den Jahren von 1975 bis 1979 wurde an der Universität Tübingen ein Modellversuch zum Thema "Computer-unterstutzte Simulationen im naturwissenschaftlichen Hochschulunterricht" durchgeführt (vgl. SIMON 1980, WEDEKIND 1981).

Bis heute gibt es jedoch keine staatlich geförderten Projekte, die sich mit der Lerneffektivität des Mediums "Computer" im Schulunterricht befassen (s. Förderungsvorhaben des Bundesministeriums für Bildung und Wissenschaft, Stand: 1.10. 1985).

Gleichwohl fordert die Bund-Länder-Kommission in einem "Rahmenkonzept für die informationstechnische Bildung in Schule und Ausbildung einschließlich der Mindestanforderungen an schulgeeignete Rechner" (1. 6. 1985), daß die "informationstechnische Grundbildung in vorhandene Fächer" (S.6) integriert werden muß. Dies wird "Rückwirkungen auf Inhalte und Unterrichtsmethoden haben" (S. 6).

"Am einfachsten wird sie (die informationstechnische Grundbildung - Anm. des. Verf.) in den Fächern zu vermitteln sein, die induktiven, deduktiven und statistischen Methoden Vorrang einräumen und sich formalisierter Verfahren und Darstellungen bedienen" (a.o.O. S. 6). Damit ist der Biologieunterricht ein möglicher Ort, an dem informationstechnische Grundlagen vermittelt werden können.

Die Bund-Länder-Kommission hebt hervor, daß "Untersuchungen, die sich auf die Wirkung der neuen Medien sowie auf entwicklungspsychologische und pädagogische Probleme beziehen, ... erforderlich" sind (a.o.O. S. 7).

Die vorliegende Arbeit soll exemplarisch die lernpsychologische Wirkung und Effektivität von Computer-Simulationen mit anderen Medien (Modellen und Folien) vergleichend untersuchen.

1.2. ZIELSETZUNG DER ARBEIT

1. Schwerpunkt: Konzeption und Erstellung neuer Modelle, Folien und Computer-Simulationen

"Der qualitative Zustand der vorhandenen Lernanwendungen ist überwiegend miserabel" (STAUDINGER 1985, S. 11).
Diese Erkenntnis war u.a. ein Grund dafür, verschiedene neue Computer-Simulationen zu erstellen, deren Schwerpunkte zum einen in der Veranschaulichung und zum anderen in einer zielgerichteten Schüleraktivität liegen.
Da, wo es sachlich gerechtfertigt erschien, wurden analog zu den Computer-Simulationen geeignete Modelle und Folien entwickelt.

2. Schwerpunkt: Effektivität von Computer-Simulationen beim Einsatz in der gymnasialen Oberstufe

Ein weiteres Ziel der Arbeit ist es, die Effektivität dieser Simulationen im Vergleich mit Modellen und Folien zu untersuchen.

"Die Ergebnisse der zahlreichen Untersuchungen zur didaktischen Effizienz verschiedener Medien beziehen sich zwangsläufig auf den Kontext, in dem die Medien eingesetzt wurden, und sie können deshalb immer nur mit Vorbehalt auf andersartige Unterrichtssituationen übertragen werden. Für eine lehr-/lernzielbezogene Einordnung von Medien in eine Medientaxonomie bilden sie noch keine ausreichende Grundlage. Die Deduktion eines für das Erreichen bestimmter Lehrziele besonders geeigneten Mediums ist nicht möglich" (WEDEKIND 1981, S. 14).
Eine generelle Aussage zur Effektivitat eines Mediums kann daher nicht gemacht werden.

In einem sachlich eng begrenzten Bereich soll dargestellt werden, welches Medium effektiver ist: herkömmliche Medien, vorrangig Modelle, oder Computer-Simulationen.
Der thematische Bereich, in dem dieses getestet werden soll, die Molekulargenetik .

In 3 Teilgebieten der Molekulargenetik werden Modelle bzw. Folien und Computer-Simulationen alternativ erprobt:

- Replikation der DNA: Computer-Simulation - Folien
- Translation : Computer-Simulation - Modell
- Genregulation. : Computer-Simulationen - Modelle

Voraussetzung ist, daß allen Medien das gleiche Unterrichtskonzept zugrunde liegt, d.h. daß in allen Kursen die gleichen Inhalte analog dargestellt werden. Der einzige methodische Unterschied besteht also in der Verwendung verschiedener Medien.

2. MEDIEN IM BIOLOGIEUNTERRICHT

2.1. ANALYSE DES MEDIENBEGRIFFS

2.1.1. DER MEDIENBEGRIFF

DOHMEN (1973) definiert den didaktischen Medienbegriff wie folgt: "Medien sind Träger/Vermittler von Informationen in didaktischen Funktionszusammenhängen" (S. 5).
Ausgehend von kommunikationstheoretischen Überlegungen definieren DICHANZ/KOLB (1974): "Unter Medium soll ... ein Zeichen- bzw. Informationsträger verstanden werden, welches die Kommunikation zwischen mindestens zwei Partnern unterstützt und/oder erst ermöglicht" (S. 21).
Die letztgenannten Autoren engen den allgemeinen Medienbegriff ein, indem sie Unterrichtmedien als "Zeichenträger bzw. Zeichensysteme im didaktischen Feld" beschreiben (S. 21).
Beide Definitionen sind sehr weit gefaßt und lassen verschiedene Deutungsmöglichkeiten zu:

- Sie umfassen personale (z.B. den Lehrer) und nicht-personale Medien.
  Lehrer und Schüler werden von den meisten Biologiedidaktikern nicht als Medien, sondern als eigenständige Unterrichtsfaktoren betrachtet (vgl. MEMMERT 1977, STAECK 1980, ESCHENHAGEN/KATTMANN/RODI 1985).
- Es wird nicht zwischen technischen (z.B. Modell, Film) und nicht-technischen Zeichenträgern (z.B. Sprache, Musik) unterschieden.
  Für diese Arbeit sind besonders die technischen Zeichenträger von Bedeutung.
  Nach BENSE (1969) wird ein Objekt einem Interpretanden (z.B. Schüler) mit Hilfe von "Zeichen" nahegebracht.

Dazu werden verschiedene "Zeichenrepertoires" (z.B. Alphabet, Sprache, Abbildungen) benötigt. Ein bestimmter "Code" dient zur En- bzw. Decodierung von "Zeichensystemen".
Der Kommunikationsprozeß läuft somit folgendermaßen ab: Ein Aussageinhalt wird entsprechend vorhandener "Zeichenrepertoires" codiert und in einer bestimmten Gestaltungsform dagestellt.
Die codierte Nachricht wird durch einen Übertragungskanal übermittelt.

Definition (nach BAAKE 1973):
Ein Medium ist durch einen Code bzw. ein Zeichensystem, eine Aussage, eine Gestaltungsform der Nachricht und durch einen bestimmten übertragungskanal, der von Kommunikator und Rezipient wahrgenommen werden kann, definiert.

Für die Unterrichtspraxis bedeutet dies, daß:
"1. der Sender (=Lehrer) unter didaktischem Aspekt ein Zeichensystem wählt, das von einem zuvor definierten Adressatenkreis (aufgrund eines zumindest teilweise gemeinsamen Coderepertoires von Sender und Empfänger) wahrscheinlich verstanden wird ...
2. der Aussageinhalt Bestandteil eines Curriculums ist und gelernt werden soll ...
3. die Gestaltungsform des Lehrinhalts den Adressatenkreis in motivierender Weise anspricht ...
4. die Wahl des Übertragungskanals und die damit gegebene Simulationsart (besser: Repräsentationsart - Anm. des Verf.) geeignet ist, die im didaktischen Zusammenhang wichtigen ... Eigenschaften des Lehrgegenstandes zu vermitteln" (ARMBRUSTER/HERTKORN 1978, S. 47).

In den folgenden Ausfuhrungen wird unter Medium immer ein technisches, apersonales Unterrichtsmedium verstanden.

In neueren mediendidaktischen Arbeiten (z.B. HEIDT 1976) ist der Begriff Medium durch "Treatment" ersetzt. Damit soll der enge Zusammenhang von Medium, Methode und Lernprozeß betont werden.

Medien können sowohl als Unterrichtsgegenstand als auch als Unterrichtsmittel eingesetzt werden. Das kann bedeuten, "daß die Medien zum Gegenstand, d.h. zum Inhalt des Unterrichts gemacht werden (z.B. Massenmedien), als auch, daß die Medien zur Vermittlung von Informationen im Unterricht verwendet werden (z.B. Bildreihen)" (HAGEMANN/TULODZIECKI 1980, S. 19). In der Biologie liegt der Schwerpunkt auf der Informationsvermittlung.
ESCHENHAGEN/KATTMANN/RODI (1985) unterscheiden bei der Informationsvermittlung zwischen Primär- und Sekundärerfahrung: "Von Primärerfahrung der ´Realität´ spricht man, wenn der Schüler mit seinen Sinnen unmittelbar oder durch Geräte, die die Leistung der Sinnesorgane erweitern ..., mittelbar mit den Gegenständen in Kontakt tritt. Neben dem visuellen Kanal ... und dem auditiven Kanal ... spielen im Biologieunterricht der haptische, taktile ... und der olfaktorische Kanal ... sowie der Geschmackssinn eine wichtige Rolle ... Bei der Sekundarerfahrung erfolgt die Information nicht unmittelbar vom Naturgegenstand aus, sondern über Nachbildungen, Abbildungen, Schemata oder Symbole" (S. 340 f.).
In einer Übersicht (s. Abb. 2.1) werden die für den Biologieunterricht relevanten Medien nach dieser Einteilung gegliedert. Unter "Abbildung" wird im Unterschied zu ESCHENHAGEN/KATTMANN/RODI jegliche Nachahmung realer Objekte verstanden.

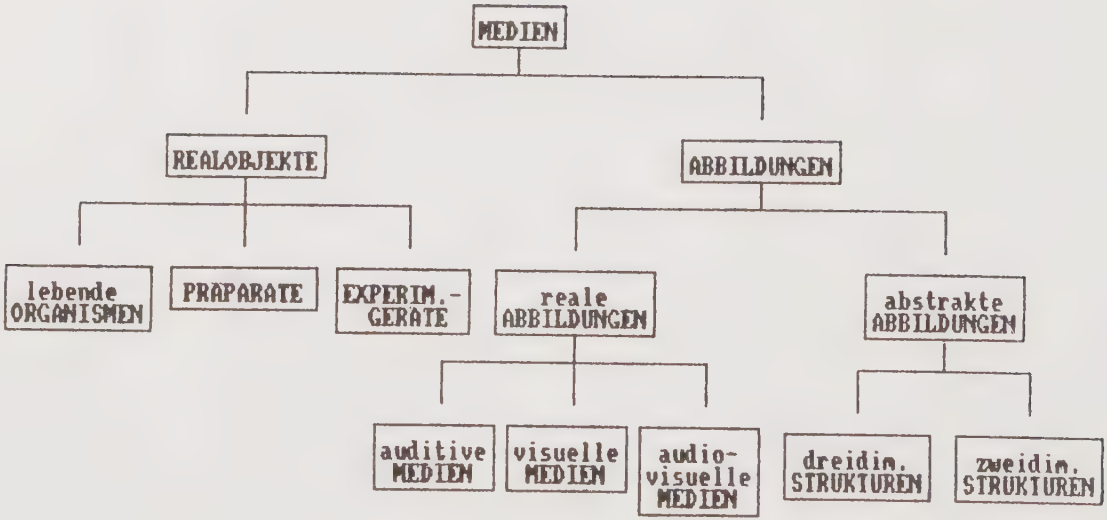


Abb. 2.1
Übersicht der für den Biologieunterricht relevanten Medien, nach Einteilungskriterien von ESCHENHAGEN/ KATTMANN/RODI (1985, S. 341) im Hinblick auf verschiedene Abstraktionsstufen
Unter zweidimensionalen Strukturen werden hauptsächlich Schemata, Grafiken, Formeln und Computer-Simulationen verstanden. Modelle sind dreidimensionale Strukturen (s. Abb. 2.6.)

Medien als Informationsträger erfüllen folgende Funktionen (vgl. SCHNITZER 1977, S. 27):

- fixierende Funktion: Sie dienen als Informationsspeicher.
- manipulierende Funktion: Das reale System wird reduziert und/oder vereinfacht dargestellt.
- Verbreitungsfunktion: Die Informationen werden einer großen Personenzahl zugängig gemacht.

Während Sprache, Gestik und Mimik des Kommunikators zur direkten Kommunikation zählen, dienen Medien der indirekten Kommunikation (s. Abb. 2.2).

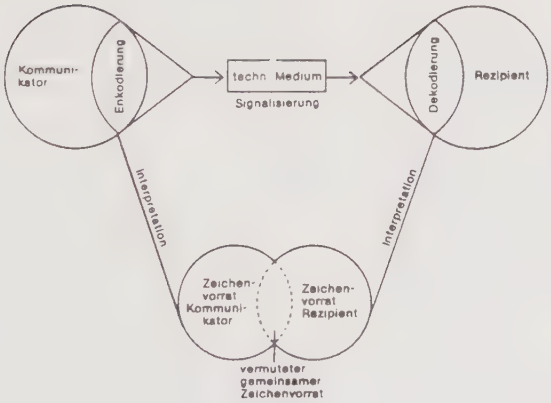


Abb. 2.2
Ein Medium als indirektes Kommunikationsmittel (nach: KOLB 1973, S. 67 aus: ARMBRUSTER/HERTKORN 1978, S. 50)

Für alle Medien gilt, daß sie Schülern, wenn möglich, ein "inneres Erleben" (WINDE 1985) vermitteln sollen. Die Begründung dafür ist durch die unterschiedliche Funktionsweise der beiden Großhirnhemisphären gegeben:

Die linke Hemisphäre interpretiert die vom Bewußtsein aufgenommenen Informationen sequentiell und analytisch.

Die rechte Hemisphäre ist dagegen in der Lage, komplexe, multifaktorielle Situationen durch eine holistische Betrachtungsweise zu bewältigen. Sie ist jedoch auf ein "persönliches Erleben" angewiesen.

Einige Medien (z.B. Modelle und Computer-Simulationen) ermöglichen ein "inneres Erleben" durch:

- Reduktion von verbalen Informationen, die nur von der linken Hemisphäre verarbeitet werden
- ansprechende optische Darstellungsweise
- geforderte Schüleraktivitäten

2.1.2. MEDIEN UND DIDAKTIK

Im folgenden soll kurz auf die Rolle der Medien unter lerntheoretischem Aspekt nach HEIMANN/OTTO/SCHULZ (1965) eingegangen werden.

Die lerntheoretische Didaktik hat "die lernerschließende Funktion des Lehrens herausgestellt und ... eine didaktische Ableitung methodischer Maßnahmen aus der vorweg entschiedenen Inhaltlichkeit problematisiert. Heimann und Schulz unterstutzen diesen Aspekt durch eine analysierende Unterscheidung sehr verschiedener Ebenen innerhalb der Methodenlehre" (BLANKERTZ 1977, S. 99).

Die "Berliner Didaktik" bzw. "Berliner Schule" ordnet der Medienwahl eine wichtige Position im Entscheidungsfeld des Lehrers zu (s. Abb. 2.3): Die Medien müssen einen Bezug zu Intentionen, Thema, Methoden, anthropogenen und soziokulturellen Voraussetzungen haben.

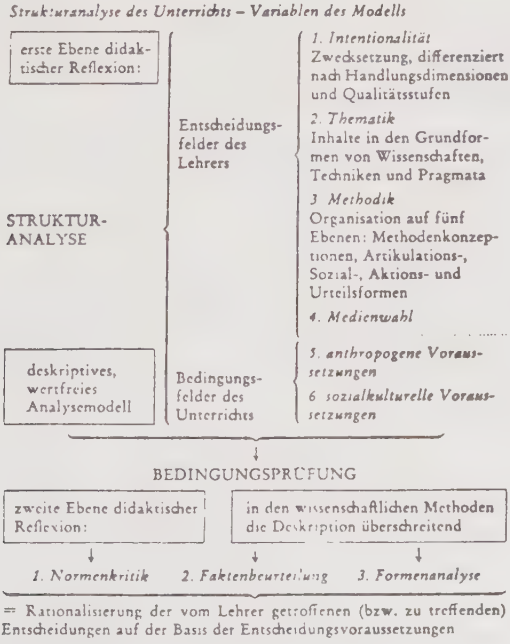


Abb. 2.3
Strukturanalyse des Unterrichts (aus: BLANKERTZ 1977, S. 102)

Medien und Intentionen:

Medien können Informationen ein- oder mehrdeutig verwirklichen. Sie können also "mono- oder polyvalent" (SCHNITZER 1977, S. 22) sein. Eine eindeutige Zuordnung ist zu fordern.

Medien und Themen:

Medien bilden nur einen Realitätsausschnitt ab. Demzufolge ist das Verhältnis zwischen Medium und Lerngegenstand ambivalent: Ein Medium kann einen Lerngegenstand verzerrt, verfremdet oder verfälscht darstellen. "Der Grundsatz der Isomorphie ... verdient gebührende Beachtung" (SCHNITZER 1977, S. 23 - vgl. Kapitel 2.2. .).

Medien und Methoden:

Medien können als Lehrmittel zur Unterstützung von Lehreraktionen oder als Lernmittel (Übernahme der Lehrerfunktion) verwendet werden.

In der Berliner Didaktik zielt der Medieneinsatz hauptsächlich darauf ab, "Lehrerfunktionen zu übernehmen, sie auf Objekte zu übertragen ganz im Sinne der ´Lehrobjektivierung´" (DICHANZ/KOLB 1979, S. 26).

Medien und anthropologische bzw. sozio-kulturelle Voraussetzungen:

Die personale Zusammensetzung einer Schulklasse sollte ebenso die Medienauswahl beeinflussen wie die Einstellung einzelner Schüler zu verschiedenen Medien. Dieser Gesichtspunkt muß in der vorliegenden Arbeit aus Gründen der Vergleichbarkeit unterschiedlicher Kurse und deren Lernleistungen ausgeklammert werden.

Diese vier o.g. Aspekte beschreiben einen Orientierungsrahmen für einen Medieneinsatz im Unterricht (vgl. BAEYER 1983):

- Adressatanalyse: In welcher Klasse sollen die Medien eingesetzt werden ? Was wissen die Schüler schon ?
- Lernzielanalyse: Welcher Inhalt soll vermittelt werden ?
- Nutzen-Kosten-Relation: Wie hoch ist der finanzielle bzw. organisatorische Aufwand ?

Kritik:

"Mit der Definition der 4 Entscheidungsfelder werden in der Berliner Didaktik nur die Bereiche aufgezeigt, innerhalb derer Entscheidungen zu fällen sind ... Es werden jedoch keine Kriterien genannt, die angeben, woran sich die Entscheidung auszurichten hat" (HEIDT 1976, S. 61).
Entscheidungshilfen sollen Medientaxonomien (s. Kapitel 2.1.4.) und vergleichende Untersuchungen zum Medieneinsatz im Unterricht (s. Kapitel 2.1.7.) geben.

EINSIEDLERs "Strukturmodell des Unterrichts" (1978) nimmt die Elemente der Entscheidungs- und Bedingungsfelder der "Berliner Didaktik" auf und erweitert sie um die Elemente "Gruppierung", damit soll dem didaktischen Stellenwert von bestimmten sozialen Strukturen Rechnung getragen werden, und "Interaktion" (s. Abb. 2.4).

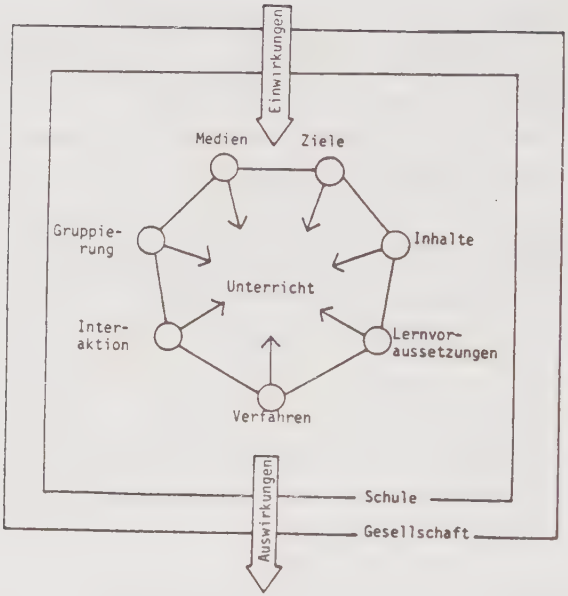


Abb. 2.4
Strukturmodell des Unterrichts (nach: EINSIEDLER 1978, S. 16
aus: WEDEKIND 1981, S. 91)

2.1.3. MEDIEN UND LEHRSYSTEME

Ein Lehr- und Lernsystem kann definiert werden als "die Gesamtheit dessen ..., was den Lernprozeß des Schülers planmäßig in Struktur und Ablauf bestimmt, d.h. ein Lehrsystem besteht aus einem Lehrer und/oder seiner Objektivation, der Lehrstrategie, den Arbeits- und Hilfsmitteln" (GUTSCHMIDT u. a. 1974, S. 23).
Dabei ist die Art und Weise eines Medieneinsatzes besonders wichtig.
Folgende Ausprägungen verschiedener Lehrer-Medium-Beziehungen sind möglich (vgl. ARMBRUSTER/HERTKORN 1978):

- direct-teaching-Modell: In einer definierten Unterrichtseinheit übernimmt ein Medium die Lehrerfunktion (= Lehrobjektivierung - vgl. Kapitel 2.1.2.).
- integrierte Lehrerfunktion: Das Medium übernimmt die Lehrfunktion. Der Lehrer kann und soll bei Fehlern eingreifen und bei vertiefenden Fragen zur Verfügung stehen.
  Als typisches Medium dafür gilt das Unterrichtsprogramm.
- Komplementationsmodell (= Kontext-Modell - s. STAECK 1980): Ein Teil der Unterrichtseinheit wird durch ein Medium strukturiert, andere Teile durch den Lehrer. Meist veranlaßt der Lehrer die Schüler zu einer Auseinandersetzung mit dem Medium, danach übernimmt er wieder die Lehrfunktion. HAGEMANN/TULODZIECKI (1980) betonen die "aktiv-kritische Medienverwendung". Ein Schwerpunkt liegt dabei auf der Sensibilisierung für Möglichkeiten und Gefahren der Modelle.
  Das Modell fordert Problemlösungsaktivitäten seitens der Schüler.
  Die verwendeten Medien der vorliegenden Arbeit wurden nach diesem Modell in das Unterrichtsgeschehen integriert.

- Enrichment-Modell: "Dieses Konzept weist den Medien nur bereichernde bzw. illustrierende sowie ergänzende Funktion innerhalb des lehrerzentrierten Unterrichtgeschehens zu - ohne Zusammenhang mit dem übrigen unterrichtlichen Kontext" (STAECK 1980, S. 20).

2.1.4. MEDIENTAXONOMIEN

"Trotz oder vielleicht auch gerade wegen der Vielfalt der Faktoren, die bei der Entscheidung über Medien zu beachten sind, wurden verschiedene Klassifikationsversuche für Unterrichtsmedien unternommen. Die leitende Absicht war, die Medien nach unterrichtsrelevanten Merkmalen zu ordnen, beispielsweise nach Funktionen, die sie im Unterricht übernehmen können, so daß dann bei der faktischen oder gewünschten Existenz bestimmter Merkmale der aktuelle Entscheidungszwang zugunsten des Rückgriffs auf die vorliegende Klassifikation entfallen könnte. Die angestrebten Klassifikationen werden als Medientaxonomien bezeichnet" (HAGEMANN/TULODZIECKI 19 80, S. 44).

Es können folgende Gruppen von Medientaxonomien unterschieden werden:

- Klassifizierungen nach formalen Medieneigenschaften:
  Es wird lediglich die Darstellungsart systematisiert. BRETZ (1971) unterscheidet zum Beispiel Medien bezüglich Telekommunikation (z.B. Fernsehen, Radio) und Aufzeichnung (z. B. Tonfilm, Schallplatte, Dias). Diese beiden Gruppen werden wiederum in bewegte und unbewegte audiovisuelle Medien, in bewegte und unbewegte visuelle Medien, in halbbewegte Tonmedien, Tonmedien und Druckmedien unterteilt.

- Klassifizierungen unter Einbeziehung von Wirkungseigenschaften:
  Hierbei werden Medien bestimmte Wirkungen zugeordnet, die als Klassifizierungsansatz dienen. EDLING (1966) unterteilt zum Beispiel die Wirkungen verschiedener Medien in vier Bereiche:
  - akustische Erfahrungen : Sie werden wiederum in subjektive (z.B. Worte) und objektive Erfahrungen (z.B. natürliche Töne) aufgeteilt

- visuelle Erfahrungen: Auch sie werden in subjektive (z. B. Diagramme, Grafiken) und objektive Erfahrungen (z.B. Filme, Bilder) eingeteilt
- direkte Erfahrung mit Menschen: z.B. Diskussion, anschauliche Beschreibung
- direkte Erfahrung mit Objekten: z.B. Stoffpräparate, Modelle

Der "Erfahrungskegel" von DALE (1969) ist auch dieser Gruppe zuzuordnen.

Andere Autoren (SKOWRONEK 1970; FRITSCH 1974; HEIDT 1976; BOECKMANN/HEYMEN 1978; STAECK 1980) unterteilen nach Sinneskanälen bzw. -modalitäten.

Sinneskanäle:

- visuell
- auditiv
- haptisch
- olfaktorisch

Sinnesmodalität (= "Grad der Wirklichkeitsnähe" s. GUILFORD 1970, S. 121):

- realbildliche Codierungsform: z.B. Filme
- schematische Codierungsform: z.B. Modelle
- symbolische Codierungsform: z.B. Diagramme
- semantische Codierungsform: z.B. Beschreibungen

- Klassifizierungen unter Einbeziehung formaler Verwendungsaspekte im Unterricht:

Medien können auch nach möglichen Schüleraktionen und -reaktionen unterteilt werden. So ordnen TOSTI/BALL (1969) den verschiedenen Reiz-Dimensionen (gegenständlich, bildlich, symbolisch und verbal) mögliche Antworten zu, nämlich implizite, selektive, mündliche, konstruierte oder motorische Antworten.

ALLEN (1967) und GAGNE (1969) dagegen gliedern Medien nach ihrer Funktion im Lernprozeß.

Kritik an Medientaxonomien:

- Zeichensysteme (= Codierungsformen) und Repräsentationsarten sind meist nicht deutlich voneinander getrennt.
- Wirkungsunterschiede auf Schüler und damit der Prozeßcharakter des Unterrichts bleiben unberücksichtigt.
- Taxonomien sind nur im Hinblick auf eine bestimmte Unterrichtstheorie sinnvoll (vgl. NUTHALL/SNOOK 1977, S. 88 ff.).
- Taxonomien definieren die Lehr-/Lernsituation nur vom Ziel her. Damit werden die Schüler zu bloßen Adressaten reduziert. "Interessant an ihnen (den Schülern - Anm. des Verf.) sind allenfalls ihre Persönlichkeitsmerkmale, weil man sie kennen muß, um Treatments (Methoden und Medien) optimal an diese Merkmale anzupassen" (DICHANZ/KOLB 1979, S. 54).
- Den Taxonomien fehlt eine empirische Basis. Bislang stellen sie "eine Mischung von Plausibilitätsüberlegungen, Erfahrungsdaten, Ableitungen aus gängigen didaktischen Theorien und unzulässigen Verallgemeinerungen empirischer Daten dar" (DICHANZ/KOLB 1979, S. 55).

2.1.5. LEGITIMATIONEN FÜR DEN MEDIENEINSATZ IM UNTERRICHT

Medien und visuelle Informationsverarbeitung:

Forschungsbefunde zur visuellen Informationsverarbeitung sprechen für die Verwendung bildhafter Symbole (z.B. Modelle, Trickfilme, Computer-Simulationen).

Die Untersuchungsergebnisse zeigen, "daß bildhaftes und sprachliches Material unterschiedlich verarbeitet und gespeichert werden ... Die Kapazität für die Speicherung von Bildern scheint unbegrenzt zu sein ... Der Verarbeitungsprozeß von visuell dargebotenem sprachlichen Material ist dagegen in Umfang und Geschwindigkeit begrenzt" (BONNE 1978, S. 138).

Medien und Motivation:

Eine weitere Legitimation für den Einsatz von Medien bietet die Motivationsforschung. In diesem Zusammenhang ist die Bedeutung der intrinsischen Motivation herauszustellen.

"Unter intrinsischer Motivation ... soll die einem bestimmten funktionsfähigen organismischen System innewohnende Tendenz zu seiner Aktualisierung verstanden werden." (ANTENBRINK 1973, S. 97).

Diese Tendenz wird für den kognitiven Verhaltensbereich als Explorationstrieb oder Neugierverhalten verstanden. Dieser Explorationstrieb wirkt auf die intellektuellen Aufnahme- und Verarbeitungsfunktionen wie ein Katalysator.

"Im Neugierverhalten eines Lebewesens zeigt sich die Bereitschaft seiner kognitiven Systeme, Informationen aus der Umwelt aufzunehmen und zu verarbeiten." (ANTENBRINK 1973, S. 97). Der Orientierungsreflex (vgl. OERTER 1971) bildet dazu die physiologische Grundlage.

"Schlusselreize" in der Umwelt bedingen die Auslösung des Explorationstriebes.

Nach HECKHAUSEN (1969) ist die Leistungsmotivation ein wesentlicher Bestandteil der intrinsischen Motivation.

"Sie (die intrinsische Motivation - Anm. d. Verf.) benennt das Ausmaß und die Intensität der Bereitschaft, mit der ein Lernender, dessen Neugier geweckt ist, seine geistigen Lernmechanismen so lange in Aktion hält, bis das ´Bedürfnis´ durch eine von der Umwelt geforderte ... ´Leistung´ befriedigt ist." (ANTENBRINK 1973, S. 98).

Die didaktische Konsequenz daraus zielt auf eine Stimulation des Explorationstriebes ab. Bezüglich eines geplanten Medieneinsatzes bedeutet dieses:

- Generell kann die Aufmerksamkeit durch den Einsatz von Medien gesteigert werden (ANTENBRINK 1973).
- Der Neuigkeitswert des Mediums kann das Neugierverhalten stimulieren. HECKHAUSEN (1969) schränkt jedoch ein:
  "Die Anregungsvariable des Neuigkeitswerts ist übrigens, wenn der Lehrer sie in starkem Maße einsetzt, nicht unproblematisch. Es kann dabei zu effekthaschenden Künstlichkeiten kommen, die den Lehrer auf die Dauer überfordern oder dem Stoff unangemessen sind" (S. 196).
  Zudem muß bedacht werden, daß der Neuigkeitswert für den einzelnen eine ganz andere Wirkung als die beabsichtigte haben kann.

Medien und Problemlösung:

In der Lerntheorie gibt es dazu keinen einheitlichen Lösungsvorschlag. Viele Lerntheoretiker vertreten jedoch die Auffassung, daß entdeckend Gelerntes dem Schüler später besser zugänglich ist (vgl. BRUNER 1970).

SUCHMAN (1973) begründet diese Hypothese folgendermaßen:

"a) weil die Erfahrung des Datensammelns ... intrinsisch belohnend ist;

b) weil Entdeckung das Vertrauen ... in die Ordnung der Welt stärkt ...;

c) weil Entdeckung Selbstvertrauen aufbaut ...;

d) weil es die kognitiven Fähigkeiten verstärkt und erweitert ..." (S. 249).

GAGNE (1969) unterstützt die Forderung nach entdeckendem Lernen im Hinblick auf den Lerntyp ´Problemlösen´:

"Problemlösen geschieht, wenn die dem Lernenden gebotenen Instruktionen keine sprachlich formulierte ´Lösung´ enthalten, sondern verlangen, daß eine Lösung ´auf eigene Faust´ konstruiert wird." (S. 136).

Gleiches gilt für den Lerntyp des ´Regellernens´:

"Wie wir gesehen haben, kann Entdecken als eine Methode des Regellernens zu individuellen Leistungsformen führen, die unter dem Aspekt der Generalisierbarkeit, Anwendbarkeit und des Behaltens sehr effektiv sind." (S. 138).

Schließt man sich dieser Meinung über entdeckendes Lernen an, so sollten für den Unterricht nur solche Medien verwendet werden, mit denen sich der Schüler aktiv auseinandersetzen kann (induktives Vorgehen !).

Nach STAECK (1980) erhalten Medien "ihre didaktische Legitimation aus ihrer Funktion für den Vollzug von Operationen durch den Lernenden - also z.B. Lernaktivitäten bzw. Problemlösungsaktivitäten - im Rahmen der handelnden Auseinandersetzung mit dem Unterrichtsgegenstand" (S. 19 f.).

Die aktive Problemlösung wird auch von einer anderen Seite gefordert: DÖRNER konnte in Experimenten zeigen, daß Akademiker grobe "Denkmangel" bei der Bewältigung komplexer Problemsituationen aufwiesen. Ein Mangel war fehlende "Analysenkomplexität".

DÖRNER´s Lösungsvorschläge lauten:

"Man muß vielmmehr die Rezeption von Informationen ergänzen und lenken durch eine aktive Hypothesenbildung über das System ... Entscheidend scheint zu sein, daß Individuen an Realitätsbereiche, die ihnen unbekannt sind, mit strukturierenden Annahmen herangehen können." (1982, S. 17 f.).

Damit sind für den Unterricht zwei wichtige Ziele gesetzt:

- an teilweise unbekannten Systemen (z.B. neue Modelle) muß die aktive Bildung von Hypothesen trainiert werden.
- die Schüler müssen "allgemeine Strukturschemata" lernen, "die es ihnen gestatten, intransparente Sachverhalte ... zu konstruieren" (DÖRNER 1982, S. 18).

Im Prozeß des entdeckenden Lernens werden beide Ziele avisiert.

Da in der molekularen Genetik Realobjekte nicht verfügbar sind, bieten sich für entdeckendes Lernen Modelle und Computer-Simulationen geradezu an. Der Einsatz von Medien, die passiv rezipiert werden, z.B. Filme und kaum manipulierbare Computer-Simulationen, ist auf die Themengebiete zu beschränken, deren komplexer Inhalt nicht anders vermittelt werden kann, ohne an wesentlicher Substanz zu verlieren, z.B. die DNA-Replikation.

Zusammenfassung:

Der Einsatz von Medien im Unterricht ist dann legitimiert, wenn (vgl. STAECK 1980):

- sie Gegenstände und/oder Prozesse veranschaulichen, die am Realobjekt nicht wahrgenommen werden können.
- sie die Schüler motivieren. Das kann durch den Neuigkeitswert des Mediums und/oder durch die Möglichkeit aktiven Handelns bewirkt werden.
- sie Informationen vermitteln.
- sie eine kritische Analyse der Medien bewirken.
- sie zu einer Lösung sachlicher Probleme führen. Hier ist zu beachten, daß sich entdeckendes Lernen positiv auf diesen Lerntyp auswirkt. Gleichzeitig werden damit Problemlösungsstrategien erworben, die für die Analyse unbekannter Systeme dringend notwendig sind.

Zudem ist zu beachten, daß bildhaftes Material wesentlich besser gespeichert werden kann als verbale Informationen. Voraussetzung ist, daß die Medien biologische Sachverhalte sachlich korrekt wiedergeben (vgl. Kapitel 2.2.3.).

2.1.6. VERGLEICHENDE UNTERSUCHUNGEN ZUM MEDIENEINSATZ IM BIOLOGIEUNTERRICHT

Es sind nur relativ wenige Untersuchungen zum Vergleich verschiedener Medien im Biologieunterricht bekannt:

- DÜKER/TAUSCH (1966) verglichen die Medien "Bild", "Modell", und "realer Gegenstand" bezüglich des Lernzuwachses und stellten fest, daß dieser mit der Verwendung der Medien in angegebener Reihenfolge größer wird.
  Das Ergebnis ist jedoch äußerst zweifelhaft, da Organisation und Evalution dieser Untersuchung zahlreiche Mängel enthalten (vgl. auch STAECK 1980, S. 88 ff.):
  - realitätsfremder Unterricht:
    - Auflösung des Klassenverbandes
    - Unterricht außerhalb des gewohnten Schulgeländes
    - Darbietung der Lerninhalte durch ein Tonband
  - unzureichende Evaluation:
    - es wurde kein Vortest durchgeführt
    - das Alter der Versuchspersonen blieb unberücksichtigt
    - das Meßinstrument wurde unzureichend dargestellt
    - die Planung des Unterrichts war ungenau

- Die gleichen Kritikpunkte gelten für eine Untersuchung von DWYER (1968 und 1972) in den USA. Er gelangte zu dem Resultat, daß "abstrakte Strichzeichnungen" realistischeren Darstellungen überlegen sind.

- NEUBAUER (1972) verglich die Wirksamkeit von Farb- und Schwarzweißfilmen biologischer Sachverhalte auf die Gedächtnisleistung. Als Ergebnis diente die Feststellung, daß Farbfilme keine Vorteile gegenüber Schwarzweißfilmen aufweisen.
  Auch in dieser Untersuchung wurde der Unterricht realitätsfremd durchgeführt.

- WERNER (1973) untersuchte den Lernzuwachs eines Realobjektes und verglich dessen Effektivität mit reiner Verbalinformation.
  Er konnte keinen Unterschied feststellen.

- Bei einem Effektivitätsvergleich zwischen den Medien "Dia" und "Tonfilm" erbrachte die Untersuchung von LEICHT/HOCHMUTH (1979) eine höhere Lern- und Gedächtnisleistung der "Dia-Gruppe".

- KILLERMANN (1980) verglich die Medien "Tonfilm" und "Tonband + Stoffpräparat bzw. Arbeitsprojektion" bezüglich ihrer Effektivität und Behaltensleistung.
  Der Einsatz der Arbeitsprojektion bedingte sowohl einen höheren Lernzuwachs als auch eine bessere Behaltensleistung als der Tonfilm.
  Tonband + Stoffpräparat bewirkte keine signifikante Leistungsverbesserung im Vergleich zum Tonfilm.

- STAECK (1980) beschäftigte sich mit der Effektivität von Lernprogrammen, Realobjekten,Modellen/Arbeitstransparenten, Dias und Filmen.
  Die Höhe des Lernzuwachses ergab folgende Rangfolge: Lernprogramm, Dia, Realobjekt, Modell/Arbeitstransparent, Film und verbale Unterweisung.
  Bezüglich der Behaltensleistung zeigten die Untersuchungen von STAECK eine etwas andere Reihenfolge: Lernprogramm, Dia, Realobjekt, Film, Modell/Arbeitstransparent und verbale Unterweisung.
  Die Gruppe, in der Dias als Medium eingesetzt wurden, erreichte zwar einen höheren Lernzuwachs als die "Film-Gruppe", vergaß allerdings bedeutend mehr.

STAECK beschränkt das Ergebnis auf eine bestimmte Lernsituation. Je nach Inhalt, beabsichtigter Medienfunktion (Information, Motivation, Übung oder Repräsentation) und Adressatengruppe müssen die entsprechenden Medien selektiert werden.

► KILLERMANN/SCHMID (1984) verglichen die Effektivität von Film und verbaler Unterweisung. Die Untersuchung ergab eine signifikant bessere Gedächtnisleistung der "Film-Gruppe".

Die teilweise widersprüchlichen Untersuchungsergebnisse sind sicherlich nicht alle auf Durchführungs- und Auswertungsfehler zurückzuführen.
Es muß klar herausgestellt werden, daß ein Medieneinsatz zu unterschiedlichen Ergebnissen bezüglich Lern- und Gedächtnisleistung führen kann, da die Verwendung eines Mediums im Unterricht von folgenden Faktoren verschieden beeinflußt wird:

- Lerninhalt: Je abstrakter und komplexer der Lerninhalt ist, desto höher wird die Effektivität von Filmen sein (vgl. KILLERMANN/SCHMID 1984).
- didaktischer Kontext: Die Prozeßhaftigkeit des Unterrichts ist zu berücksichtigen. Schüler unterschiedlicher Altersstufen können auf ein Medium verschieden reagieren.
- Lerntypen: STAECK (1980) differenziert zwischen verschiedenen Lerntypen (S. 17 f.):
  - der visuelle Lerntyp
  - der auditive Lerntyp
  - der haptische Lerntyp
  - der abstrakt-verbale Lerntyp

  Die Lerntypen stellen nur Grundmuster dar. In reiner Form sind sie bei Schülern nicht anzutreffen (vgl. VESTER 1978, S. 97 ff.). Sie geben jedoch Hinweise auf mögliche Schwerpunkte des Wahrnehmungsprozesses.

Gerade bei vergleichenden Untersuchungen zum Medieneinsatz muß berücksichtigt werden, daß dabei bestimmte Lerntypen bevorteiligt werden.
In der vorliegenden Arbeit geht es schwerpunktmäßig um den Vergleich verschiedener Medien, die meist visuell und haptisch wahrgenommen werden können (Modelle und Computer-Simulationen -> Bedienung der Tastatur).

Alle Untersuchungen können demnach nur relative Aussagen über den Medieneinsatz zu einem definierten Thema und in einer bestimmten Jahrgangsstufe machen.
Die vorliegende Arbeit bezieht, wie bereits gesagt, ein Medium in einen Vergleich ein, dessen Effektivität bisher noch nicht empirisch überprüft wurde: die Computer-Simulation.

2.2. ANALYSE DES MODELLBEGRIFFS

2.2.1. DIE MODELLMETHODE

In der Biologie kann man nach STRAASS (1963) drei grundsätzliche Arbeitsmethoden unterscheiden:
- wissenschaftliche Beobachtung und Beschreibung
- das Experiment
- die Modellmethode.

"Als ´Modellmethode´ kann kurzgefaßt das wissenschaftliche Arbeiten mit (Anschauungs-) Modellen zum Zweck der Erforschung (Analyse) ihrer Objektsysteme bezeichnet werden. Dabei wird von der Struktur und dem Verhalten der Modelle in Modellexperimenten in Analogie auf die Struktur und das Verhalten der Objektsysteme geschlossen" (SIMON 1978, S. 123).
Für den Unterricht bedeutet das den zielgerichteten Einsatz von Modellen.

Eine wissenschaftliche Modellentwicklung beschreibt STRAASS (1963) folgendermaßen:
"Die Genese eines Modells geht stets von mehr oder weniger gesicherten Vorstellungen über einen Gegenstand, einen Prozeß usw. aus, durchläuft ein Stadium komplizierter analytischer und synthetischer Gedankenarbeit, um endlich in der materiellen Reproduktion einer biologischen Erscheinung ihren Abschluß zu finden." (S. 63).
Im folgenden sollen die einzelnen Schritte genauer betrachtet werden (s. Abb. 2.5):
Nach einer Problemformulierung müssen die verschiedenen Bedingungen und Beziehungen im Originalsystem analysiert werden. Eine Modellvorstellung wird in einem ersten Modell manifestiert.

Durch Vergleich mit dem Objekt wird die Gültigkeit (Validität) überprüft. Eventuelle unbeabsichtigte Abweichungen zwischen Modell und Realobjekt werden genauso korrigiert, wie unberücksichtigt gebliebene Parameter. BELLNER (1973) nennt dies "Calibrierungsphase" und "Gültigkeitsbestätigung".
Drei Gültigkeitsdimensionen müssen überprüft werden:

- formale Gültigkeit: Sind die verschiedenen Bedingungen und Beziehungen des Realobjekts korrekt auf das Modell übertragen worden ?
- empirische Gültigkeit: Sind genügend Bedingungen und Beziehungen des Realobjektes im Modell berücksichtigt worden, so daß mindestens eine homomorphe Abbildungsfunktion besteht ?
- pragmatische Gültigkeit: Dient das Modell dem avisierten Ziel ?

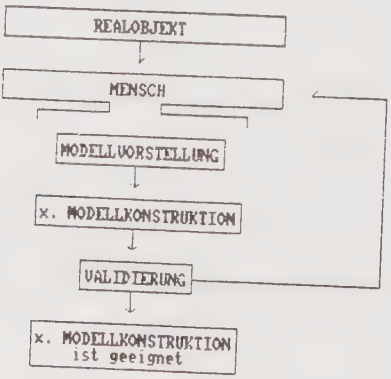


Abb. 2.5
In diesem Schema ist der Verlauf einer Modellentwicklung ausgehend vom Realobjekt dargestellt.

2.2.2. DER MODELLBEGRIFF

Bei Durchsicht der Literatur finden sich verschiedene Modellbegriffe:

- Unter Modell wird einmal ein biologisches Musterbeispiel verstanden, das ähnliche Vorgänge in einem Organismus verdeutlichen kann:
  Eine Pankreaszelle kann ein Modell für das Studium von Drüsenfunktionen sein.
- Die Begriffe "Hypothese" und "Modell" werden synonym gebraucht. Nach STRAASS benutzte W. MENKE einen solchen Begriff, als er 1960 seine Vorstellung über den Mechanismus einer Plastidenmutation darstellte: "Das geschilderte System besitzt offenbar alle Eigenschaften, die man von einem Modell der Plastidenmutation beim derzeitigen Stand des Wissens fordern kann" (nach: STRAASS 1963, S. 46 f.).
- Als Modell wird auch ein ´Bild´ verstanden, das äußerst komplexe Vorgänge in einem völlig anderen Bereich veranschaulichen soll: K. LORENZ hat z.B. ein hydraulisches Modell zur Erläuterung des Zusammenwirkens von endogener Reizkumulierung, angeborenem auslösenden Mechanismus (AAM) und Instinktbewegung entwickelt (s. STRAASS 1963, S. 48f.), was hier nicht näher erläutert und diskutiert werden soll.
- Akzeptiert man die Voraussetzung, daß Realität grundsätzlich unerfahrbar ist, so erfolgt sämtliche Erkenntnis über Modelle (s. STACHOWIAK 1973). Schon die wahrnehmungsbedingten neuronalen Strukturen im Gehirn sind Abbildungen und damit Modelle der Realität.

2.2.2.1. WISSENSCHAFTSTHEORETISCHE SYSTEMATIK DES MODELLBEGRIFFS

Ein Modell kann entweder eine Abbildung von Gegenständen oder eine Theorie oder Satzklassen von bzw. für etwas sein.
Nach ESSLER (1971) sind folgende Verknüpfungsmöglichkeiten denkbar:

- ein Gegenstand bildet einen anderen ab: strukturelles Modell
- eine Satzklasse bildet einen Gegenstand ab: idealisiertes Modell
- ein Gegenstand bildet eine Satzklasse ab: semantisches Modell
- eine Satzklasse bildet eine andere ab: theoretisches Modell

DIETRICH et al. (1976) unterscheiden zwischen materiellen und ideellen Modellen (= Denkmodelle). Diese Definition teilt die obigen vier Kategorien in zwei Gruppen ein:
materielles Modell = strukturelles und semantisches Modell,
ideelles Modell = idealisiertes und theoretisches Modell.

In der Biologie werden meist strukturelle oder idealisierte Modelle benutzt (s.o.).
Es ist zwar wichtig, sich vor Augen zu halten, daß alle naturwissenschaftlichen Gesetzmäßigkeiten und jede Darstellung von biologischen Objekten und Prozessen nur Modellvorstellungen sind, gerade deshalb aber erscheint eine Einengung des Modellbegriffs notwendig.
Im folgenden wird nur dann von "Modell" gesprochen, wenn ein Gegenstand einen anderen abbildet.

Diese strukturellen Modelle unterteilt ESSLER noch weiter:

- alle Merkmale sind korrekt wiedergegeben, nur der Maßstab wurde verändert:

  adäquates Modell

- in einem Modell werden verschiedene Maßstäbe angewendet:

  verzerrtes Modell

- bei bestehenden strukturellen Ähnlichkeiten "wird eine Analogie zwischen zwei fremden Gegenständen ... gezogen ..." (ESSLER 1971, S. 41):

  Analogiemodell

Als Analogie bezeichnet man "jenen Sachverhalt in der objektiven Realität, daß Gegenstände und deren Wechselbeziehungen mit anderen Gegenständen auf Grund eines gleichen Allgemeinen, d.h. gleicher notwendiger und damit gesetzmäßiger Beziehungen, Ähnlichkeit zeigen." (STRAASS 1963, S. 115).

2.2.2.2. KLÄRUNG DES MODELLBEGRIFFS

In der Biologie wird unter einem Modell in vielen Fällen ein Analogiemodell verstanden.
So bezeichnet HALBACH (1979) ein "Analogon eines natürlichen Systems, sei es struktureller oder funktioneller Art, als Modell" (S. 63 f.), und NACHTIGALL (1978) definiert ein Modell als "analoge Abstraktion eines Originals" (S. 132).
SIEDENTOP (1971) versteht unter Modellen "Nachbildungen ... von in der Natur beobachtbaren Objekten ... oder Veranschaulichungen von Vorgängen..." (S. 182). Er benutzt zwar den Analogiebegriff nicht, meint aber Ähnliches.
ESSER (1978) faßt bestehende Modellvorstellungen wie folgt zusammen: Sie "stimmen darin überein, daß Modelle ein reales System abbilden und repräsentieren, wobei ein Modell in der Regel jedoch kein komplettes Abbild darstellt, sondern wesentliche Aspekte des realen Systems wiederspiegelt" (S. 102).
WEDEKIND (1981) definiert Modell wie folgt: "Ein Abbild eines Objekts ist dann ein Modell, wenn es ein Subjekt gibt, das dieses Abbild zu bestimmten Zwecken als Stellvertreter für das Objekt verwendet, und wenn vom modellauswählenden oder modellkonstruierenden Subjekt festgelegt ist, welche Eigenschaften des Objekts mit welchen Beschreibungsmitteln wiedergegeben werden" (S. 42).
In dieser Definition wird die Abbildungseigenschaft (= Stellvertretung, s.u.) in enger Beziehung mit dem Anwender (hier: Lehrer) gesehen.
Alle anderen Autoren umgehen eine Definition und beschreiben stattdessen Eigenschaften und Funktionen von Modellen.

Für diese Arbeit soll folgende Definition gelten:

Definition:
Ein Modell liegt dann vor, wenn:
- ein Gegenstand einen anderen abbildet (= Bedingung 1) und
- Ähnlichkeiten, das Aussehen oder ablaufende Prozesse betreffend, vorliegen (= Bedingung 2).

Erläuterung der Bedingungen:
1. Bedingung: Es werden immer nur Realitätsausschnitte modellhaft dargestellt. Die räumliche Dimension des Originalgegenstandes spielt keine Rolle, d.h. auch Molekülstrukturen werden als Gegenstände bezeichnet.
2. Bedingung: Die Analogiebedingung kann entsprechend der Adjunktion noch weiter aufgeschlüsselt werden:
   - Modelle können nur zur Darstellung der "materiellen Struktur" (BIRETT 1974) dienen, d.h. sie geben nur die Form wieder.
     Zwei Bezeichnungen werden synonym verwendet:
     "statisches Modell" (GRUPE 1971) und "Strukturmodell" (MOSTLER/KRUMWIEDE/MEYER 1975, MEMMERT 1979, STAECK 1980, ESCHENHAGEN/KATTMANN/RODI 1985). Diese Bezeichnungen sind unglücklich gewählt, da sie diesen Modelltyp nur ungenau charakterisieren. Er soll daher als Formmodell bezeichnet werden.
   - Der Schwerpunkt der Modelldarstellung liegt in den Wechselbeziehungen zwischen Original und Umwelt bzw. der einzelnen Teile untereinander. Bei Herausstellung dieser "informellen Struktur" (BIRETT 1974) spricht man von einem Funktionsmodell.

In der Literatur wird vielfach zwischen diesen beiden Typen unterschieden (GRUPE 1971,MOSTLER/KRUMWIEDE/MEYER 1975, STAECK 1980, ESCHENHAGEN/KATTMANN 1985).
ESSER (1978) und MEMMERT (1979) nennen neben diesen beiden Modelltypen noch das "theoretische Modell" (ESSER 1978, S. 103) bzw. das "Denkmodell" (MEMMERT 1979, S. 66). Beide erfüllen jedoch nicht Bedingung 1 der obigen Definition, verdeutlichen aber die Problematik einer enggefaßten Definition. Aus diesem Grund soll im folgenden zwischen Modell und Modellvorstellung unterschieden werden:

Definition:
Jedes gedankliche Abbild eines Gegenstandes und/oder von Prozessen wird als Modellvorstellung verstanden.

Jede Modellvorstellung enthält Elemente der Hypothese und der Theorie:
"Hypothetisch ist an ihr die außerhalb des Biologischen reproduzierte gedankliche Einheit einzelner, aus einem komplexen Zusammenhang isolierter Faktoren. Sie enthält darüber hinaus aber auch theoretisch gesicherte Kenntnisse, etwa über die Beteiligung bestimmter Faktoren an einer biologischen Erscheinung." (STRAASS 1963, S. 67).
Je nach Konkretisierungsgrad einer Modellvorstellung ergeben sich zweidimensionale Darstellungen (z. B. Folien, Fotografien, Computer-Simulationen) oder Modelle (s. Abb. 2.6).

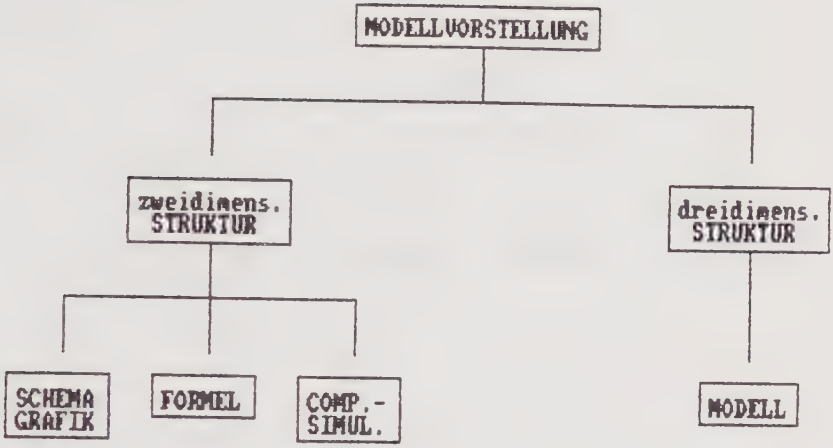


Abb. 2.6
Unterschiedlicher Konkretisierungsgrad einer Modellvorstellung
Grundlage sind die im Text angegebenen Definitionen.

Die beiden Definitionen ermöglichen unter Zuhilfenahme der wissenschaftstheoretischen Systematik folgende Einteilung des Modellbegriffs (s. Abb. 2.7).

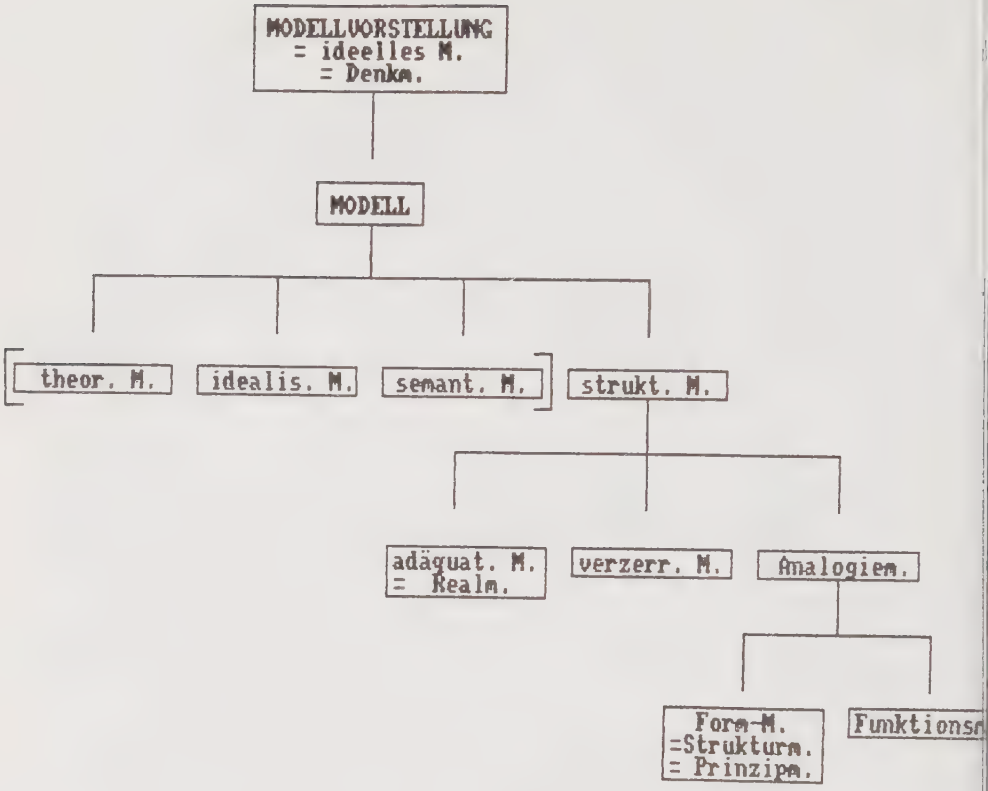


Abb. 2.7
Einteilung des Modellbegriffs
"M." bzw. "m." steht für "Modell" !
Grundlage ist die wissenschaftstheoretische Systematik nach ESSLER (1971). Die im Text angegebenen Definitionen von Modell und Modellvorstellung sind in diese Einteilung integriert. Die Bezeichnungen ESSLERs, die nicht in die Definition einzubeziehen sind, sind mit eckigen Klammern versehen. Sofern sich Bezeichnungen anderer Autoren inhaltlich mit den aufgeführten decken, sind diese mit einem Gleichheitszeichen hinzugefügt.

Einteilungen anderer Autoren:

ESCHENHAGEN/KATTMANN/RODI (1985) teilen Modelle nach verschiedenen anderen Gesichtspunkten ein (s. Abb. 2.8):

- Realitätsbereich:
  Ein Modell kann materielle und ideelle Realität darstellen ("Denk- und Anschauungsmodell").
- Abbildungsdimension von Anschauungsmodellen:
  Wird eine zweidimensionale Abbildung (Grafik oder Schema) verwendet, wird diese als "bildliches Modell" bezeichnet. Eine räumliche Darstellung wird als "körperliches Modell" definiert.
- Abbildungseigenschaften:
  Liegt der Abbildungsschwerpunkt auf dynamischen Vorgängen oder Prozessen ist es ein "Funktionsmodell".
  Ein "Strukturmodell" dient vorwiegend zur Darstellung von Baumerkmalen.
- Entsprechung von Original und Modell:
  Stellt ein Modell ein theoretisches Konstrukt dar, wird es als "Konstruktmodell" bezeichnet.
  Ein "Analogmodell" gibt nur bestimmte Eigenschaften des Originals wieder.
  Wird die Gestalt eines Originals modellhaft abgebildet, so wird es "Homologmodell" genannt, auch wenn die räumliche Dimension verzerrt oder verändert dargestellt wird.
- Erkenntnisprozeß:
  Dient das Modell zum Testen neuer Hypothesen, so wird es als "Forschungsmodell" bezeichnet.
  Wird es zur Erkenntnisvermittlung eingesetzt, so nennt man es "Lehr- und Lernmodell".

Die Einteilung nach der Entsprechungsart von Original und Modell ist unsystematisch: Auch ein Modell eines gedachten Originals kann zu diesem analog oder homolog sein.
Die Unterscheidung zwischen Forschungs- und Lern-/Lehrmodell ist für den Schulunterricht unökonomisch, da jedes dort verwendete Modell für die Schüler ein Forschungs- und für den Lehrer ein Lern- und Lehrmodell ist.

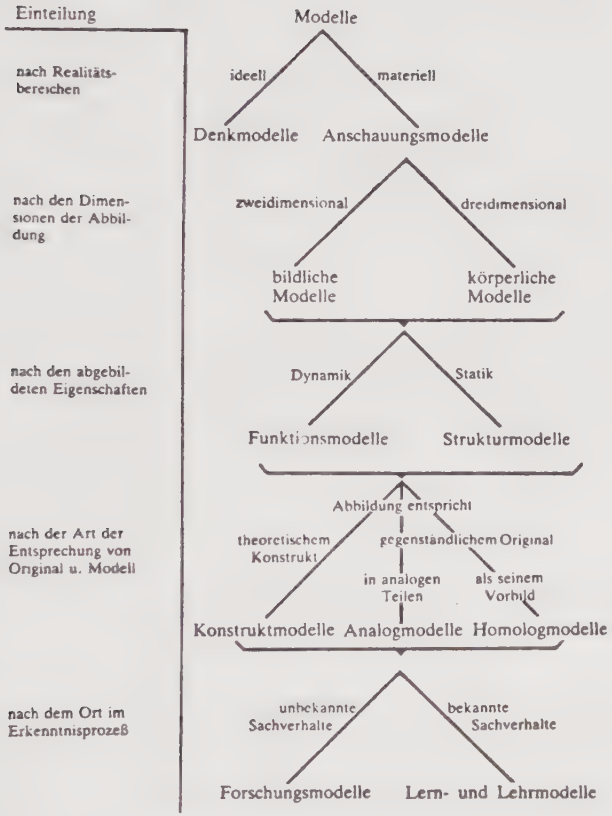


Abb. 2.8
Einteilung von Modellen (aus: ESCHENHAGEN/KATTMANN/RODI 1985 S. 357)

REICHART (1979) unterscheidet "Real-, Prinzip- und Funktionsmodelle".
Unter "Realmodellen" versteht er solche, die ein Original ganz oder teilweise genau wiedergeben.
"Prinzipmodelle" dienen "der Darstellung von Struktur- und Funktionsprinzipien und der diesen innewohnenden Gesetze und Gesetzmäßigkeiten"(a.o.O. , S. 19). Die Ähnlichkeit mit dem Original ist meist äußerst gering. Zu diesen Modellen zählt REICHART sowohl zweidimensionale Darstellungen, z.B. Filme und Abbildungen, als auch räumliche Modelle, deren Struktur nur indirekt zu bestimmen ist, z.B. Modelle atomarer oder molekularer Eigenschaften.
"Funktionsmodelle" sind "solche Modelle, mit denen irgend etwas getan werden kann oder muß..." (a.o.O. , S. 23). Damit ist allein die Aktivität der Schüler gemeint.

Diese Einteilung ist unsystematisch, da als Einteilungsprinzip einmal das Original (Real- und Prinzipmodell) und zum anderen der Schüler (Funktionsmodell) verwendet wird.

2.2.3. EIGENSCHAFTEN VON MODELLEN

BIRETT (1974) nennt vier Modelleigenschaften, denen WEDEKIND (1981) eine fünfte hinzufügt:

- Stellvertretung: Ist ein Original nicht vorhanden, nicht wahrnehmbar oder zu komplex, so kann ein Modell an dessen Stelle treten. Damit unterscheiden sich in der Regel Original und Modell bezüglich des Substrates.
  Nach NACHTIGALL (1978) sollte ein Modell auf keinen Fall verwendet werden, wenn ein Original vorliegt. Er bezieht sich dabei jedoch auf die Forschung.
  Für die Schulpraxis wendet MEMMERT (1979) dagegen ein, daß auch die distanzierende und isolierende Funktion wichtig sein kann:
  Distanzierend nennt er die Modelle, "die einen emotionalen Abstand zu den Objekten unserer Umwelt ..." (S. 56) schaffen. Der unmittelbare Umgang mit einem Originalobjekt kann u.U. den Lernvorgang stark behindern: "Wer unvermutet von einem Hund angebellt wird, wird sich kaum Gedanken über Fluchtdistanz, Androhen oder Territorialverhalten machen." (S. 57).
  Die isolierende Funktion von Modellen hilft, ein oft hochkompliziertes Beziehungsgeflecht zu verstehen (weiteres dazu s.u.: Abstraktion)
- Zeittransformation: Läuft ein Prozeß zu schnell oder zu langsam ab, um mit dem Auge oder mit optischen Hilfsmitteln verfolgt zu werden, so kann ein Modell den Ablauf erkennbar machen.

- Demonstration: Ein Modell kann als Medium eingesetzt werden, um anderen wichtige Erkenntnisse über das Original zu vermitteln. Dabei werden nach DIETRICH et al. (1976) vorhandene Begriffe vertieft, präzisiert, erweitert und zu neuen Aussagen verknüpft. Diese Aussagen können bei entsprechender Verallgemeinerung zu Gesetzmäßigkeiten werden. Ob eine Verallgemeinerung im konkreten Einzelfall zulässig ist, muß der Vermittler (= Lehrer) jeweils entscheiden.
  Ebensogut kann ein Modell als Forschungsobjekt dienen. In diesem Fall werden mit dessen Hilfe vorläufige Hypothesen dargestellt und überprüft.
  HALBACH (1979) bezeichnet diese beiden Einsatzmöglichkeiten als "Demonstrations- bzw. Forschungsmodelle".
- Abstraktion:
  - strukturelle Abstraktion: "Die Abstraktion dient der Verdeutlichung; sie wird erreicht durch die Konzentration auf die wesentlichen Aspekte eines komplexen Systems" (HALBACH 1979, S. 64). Durch diese Aspektreduktion (= Isolation bestimmter Beziehungen) wird eine Vereinfachung der originalen Zustände oder Prozesse bewirkt.
  - gedankliche Abstraktion: Die Analyse eines Modells soll zur Abstraktion seiner Eigenschaften und Beziehungen und dann zur Verallgemeinerung, zur Zusammenfassung wesentlicher Aspekte führen.
    Aus diesen verallgemeinerten Sachverhalten wird eine Modellvorstellung synthetisiert.
    "Analyse und Synthese sind untrennbar. Jede Analyse wird durch Synthese geleitet, sonst ist sie richtungslos, jede Synthese setzt Analyse voraus.

Die Analyse eines Modells hat demnach immer synthetischen Charakter, und umgekehrt ist jede Synthese (Erfassen der Zusammenhänge) Voraussetzung für eine vertiefte Analyse (Explikation neuer Aspekte, Herleiten neuer Beziehungen). Aufgrund des Systemcharakters der geistigen Tätigkeit ist eine isolierte Betrachtung von Analyse und Synthese nicht möglich, die Prozesse gehen fortwährend ineinander über" (HILLE 1980, S. 47).

- Subjektivierung: "Modelle an sich haben wenig Aussagekraft. Sie ´funktionieren´, d.h. sie gewinnen ihre Aussagekraft erst innerhalb eines Systems, das aus Modell und Original sowie dem Erkenntnissubjekt selbst besteht" (WEDEKIND 1981, S. 44).

2.2.4. FORDERUNGEN AN MODELLE

Folgende Forderungen sind an Modelle zu stellen:

- Sie müssen logisch aufgebaut sein, d.h. sie dürfen keinen sachlichen Widerspruch enthalten.
- Modelle müssen sachlich korrekt sein, d.h. daß Analogien gemäß obiger Definition vorliegen müssen.
  BREIDENBACH (1963) fordert, allerdings bezogen auf den Mathematikunterricht, daß Modell und Original isomorph sein sollen , d.h. die Abbildungsfunktion muß eineindeutig sein.
  Für biologische Modelle ist die Isomorphieforderung in der Regel nicht notwendig: Es genügt völlig, wenn anhand eines Modells Eigenschaften des Originals verdeutlicht werden konnen. Eine solche eindeutige Abbildung wird als homomorh bezeichnet.
  Die Forderung nach Homomorphie wird allerdings als Mindestanforderung verstanden. Falls eine isomorphe Beziehung zwischen Modell und Original realisierbar ist, sollte diese gewählt werden.
- Modelle müssen zweckmäßig sein, d.h. sie müssen bestimmte Aspekte des Originals verdeutlichen und sollen zu Denkprozessen anregen (heuristische Funktion).
- "Modelle müssen einfach sein, d.h. sie müssen eine möglichst geringe Zahl überflüssiger oder leerer Beziehungen enthalten." (MEMMERT 1979, S. 77).

2.2.5. MODELLFUNKTIONEN

Modelle dienen:

- der Erkenntnisgewinnung: Sie können verwendet werden, um neue Informationen zu gewinnen. Theorien können überprüft und weiterentwickelt werden (= "Forschungsmodelle" s. HALBACH 1979).
- der Erkenntnisvermittlung: Sie werden eingesetzt, um wichtige Informationen über ein Original zu verdeutlichen. In diesem Fall sind dem Anwender (= Lehrer) die zu vermittelnden Informationen schon bekannt.
- der Verhaltensregulation: Regulationsmodelle dienen insbesondere in der Technik zur "Übernahme bestimmter Funktionen der Originale fur festgelegte Zeiträume" (WEDEKIND 1981, S. 46).

Sie können demnach in Wissenschaft, Unterricht und Technik eingesetzt werden.

Für die Anwendung im Unterricht sind nur die ersten beiden Funktionen von Bedeutung: Die Schüler benutzen Modelle vorwiegend zur Erkenntnisgewinnung, während der Lehrer sie zur Erkenntnisvermittlung einsetzt.

Die Grundbegriffe eines Erkenntnisprozesses sind nach MEMMERT (1979) Erfahrung und Anschauung.

Da der Begriff der Anschauung häufig mit verschiedener Bedeutung und auch oft synonym zu Anschaulichkeit und Veranschaulichung verwendet wird (vgl. MEMMERT 1979, BREIDENBACH 1963, STRAASS, 1963, WALCHER 1974, DÜKER/TAUSCH 1966), ist eine Klärung notwendig.

Anschauung:

KANT unterscheidet zwei Vorstellungsquellen: den Verstand und die Sinnlichkeit. Beide können "aber nur in Verknüpfung objektivgültig von Dingen urteilen." (KANT 1781, S. 363).

Als Voraussetzung gilt, daß alle Erfahrung noch die Begriffe der angeschauten Gegenstände enthält.

Etwas verändert hat diese KANT´sche Auffassung heute noch Gültigkeit: "Anschauung sind also der Prozeß oder die durch das Denken verarbeiteten Inhalte und Resultate des Prozesses jener Kontaktaufnahme des Subjekts mit dem Erkenntnisobjekt" (STRAASS 1963, S. 78).

Diese Definition schließt eine doppelte Verwendung im Sprachgebrauch inhaltlich ein:

- Anschauung ist ein zentraler Bestandteil der wissenschaftlichen Beobachtung.
- Anschauung ist ein Resultat, einer Zusammenfassung von Erkenntnissen und Meinungen (z.B. Weltanschauung).

Zu betonen ist, daß Anschauung nicht nur die optische Erfassung beinhaltet, sondern auch alle anderen Sinnesorgane.

MEMMERT (1979) setzt folgende Priorität:

"Nach dem Auge ist für den Menschen sicher die Hand das wichtigste Organ zur Erkundung der Umwelt." (S. 60). Damit wird auch die Bedeutung des Wortes "Be-Greifen" für den Erkenntnisprozeß klar.

Fur den Einsatz von Modellen ist der Anschauungsbegriff allerdings von geringem Wert, da damit nur der Zusammenhang von sinnlichem und geistigem Erfassen beschrieben wird.

Wichtiger ist der Begriff der Anschaulichkeit.

Anschaulichkeit:

Bei einer Analyse des Erfahrungsprozesses stellt WUNDT (1896) fest, "dass sich jede Erfahrung unmittelbar in zwei Factoren sondert: in einen Inhalt, der uns gegeben wird, und in unsere Auffassung dieses Inhalts." (S. 3).

Diese Trennung von Inhalt und Auffassung spielt für die Modellentwicklung eine wichtige Rolle. Wie aber werden Inhalte aufgefaßt ?

Nach KANT (1781) vermitteln "Schemata" zwischen Verstand und Sinnlichkeit (vgl. PIAGET 1970). BRENTANO (1874) setzt an die Stelle von "Schemata" den Begriff "Vorstellungen".

Im Sinne beider Darstellungen ist unter dem Prädikat "anschaulich" ein Urteil über psychische Vorgänge zu verstehen, die ein Objekt (hier: Modell) auslöst.

Der Begriff Anschaulichkeit beschreibt also die psychische Wirkung eines Objekts, wobei dessen Eigenschaften und der psychische Zustand des Betrachters eine entscheidende Rolle spielen.

Für den Einsatz von Modellen heißt das:

Die Anschaulichkeit eines Modells kann n i c h t von vorne herein beurteilt werden. Erst gesteigerte Motivation und/oder Erkenntnisgewinne machen eine Beurteilung möglich.

Die Erfahrung spielt in sofern eine wichtige Rolle, als daß schon bekannte "Schemata" oder "Vorstellungen" die Anschaulichkeit wesentlich verbessern.

Je anschaulicher ein Modell ist, desto direkter sind die Beziehungen zwischen Realobjekt und Modell erkennbar (vgl. Abb. 2.9).

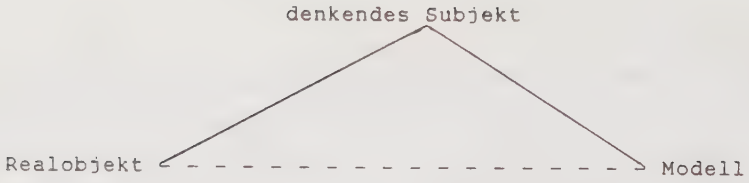


Abb. 2.9
"basic triangle" von OGDEN/RICHARDS (verändert nach: ULLMANN 1963, S. 72)
Es bestehen direkte Beziehungen zwischen Realobjekt und denkendem Subjekt bzw. Modell und denkendem Subjekt.
Die Verbindung zwischen Realobjekt und Modell ist nur indirekt möglich (gestrichelte Linie). Der Verstand übernimmt die Vermittlung.

Veranschaulichung:

Im Unterricht dient ein anschauliches Modell zur Veranschaulichung. Der Begriff "Veranschaulichung" beschreibt damit die funktionale Bedeutung eines Modells.

Man unterscheidet drei Formen (vgl. WEDEKIND 1981):

- Experimentersatz: Verschiedene Gründe können für einen Modelleinsatz sprechen:
  - Das Originalobjekt ist zu groß oder zu klein.
  - Das Originalobjekt und/oder Hilfsmittel sind nicht verfügbar.
  - Das Originalobjekt ist zu komplex.
  - Die Prozesse laufen zu schnell oder zu langsam ab.
  - Ein Experiment ist zu gefährlich.
  - Meßgeräte verfälschen das Ergebnis.
  - Der organisatorische und/oder fianzielle Aufwand ist zu hoch.
  - Das Experiment verbietet sich aus ethischen Gründen.

- Unterrichtsprinzip: "Aus didaktischer Sicht erfordert Veranschaulichung ... die entsprechende Gestaltung des Erkenntnisprozesses durch den Lehrenden" (WEDEKIND 1981, S. 131). Dies ist besonders dadurch notwendig geworden, daß die betrachteten Objektsysteme immer komplexer und die aufgestellten Theorien immer allgemeiner, d.h. umfassender werden.
- Didaktische Visualisierung: Darunter wird die zweck- und lernzielorientierte Veranschaulichung verstanden, die die komplexen sinnlich wahrnehmbaren Eindrücke des Originalsystems auf eine für den Lernprozeß wichtige Informationsmenge reduziert (vgl. ARMBRUSTER/HERTKORN 1978, S. 70 f.).

2.3. ANALYSE DES SIMULATIONSBEGRIFFS

2.3.1. DER SIMULATIONSBEGRIFF

In der Literatur werden verschiedene Definitionen gegeben:

"Eine Simulation ist ein Modell einer bestimmten Situation, in dem die Situationselemente durch arithmetische und logische Prozesse dargestellt werden, die zur Voraussage der dynamischen Eigenschaften der Situation auf einem Rechenautomaten ausgeführt werden können" (EMSHOFF/SISSON 1972, S. 25). Der Simulationsbegriff wird in dieser Definition auf Computer-Simulationen beschränkt.

"Simulation (ist) ein operatives Modell, das Prozesse über Zeit vorsieht und sich dynamisch entwickeln kann" (RASER 1976 S. 15).

"Simulation ist die Nachahmung eines Effektes, eines Vorganges oder des Systemverhaltens durch wiederholtes Betreiben eines Modells mit verschiedenen Alternativen" (VOSS 1977, S. 17).

SIMON (1980) versteht unter Simulation "das Arbeiten und Experimentieren mit Modellen von Objektsystemen anstatt mit den (realen) Objektsystemen selbst" (S. 16).

Unter Simulation "ist die zielgerichtete Arbeit mit dem Modell eines Systems zu verstehen" (WEDEKIND 1981, S. 26).

Folgende Bedingungen sind in den Definitionen enthalten:
- Bezugspunkt ist ein Realsystem.
- Es wird ein Abbild eines Realsystems konstruiert.
- Simulationen können sowohl dynamische Veränderungen in der Zeit als auch verschiedene Aspekte statischer Zustände, also zeitunabhängig, berücksichtigen.

Bevor eine endgültige Definition gegeben wird, die diesen Bedingungen entspricht, soll der Systembegriff analysiert werden.

2.3.1.1. SYSTEMTHEORIE UND SYSTEMBEGRIFF

Grundsätzliches Ziel jeder Systemtheorie ist es, die Wirkung verschiedener Elemente aufeinander zu untersuchen (s. WIESER 1959, S. 12 ff.).
Verschiedene Konzepte versuchen dieses Ziel zu erreichen (vgl. FORRESTER 1972; LENK 1975). Allen gemeinsam ist das Streben nach extremer Abstraktion (s. CZAYKA 1974).
Da keine Systemtheorie in der Lage ist, alle Elemente eines Realobjektes zu erfassen, hat sie keinen empirischen, sondern instrumentellen Charakter (vgl. LENK 1975).
Ihre Funktionen liegen:

"- in dem heuristischen Wert der Systemmodelle und deren Analyse
- in der für alle empirischen Disziplinen nützlichen Denkökonomie, insbesondere durch die Zusammenstellung geeigneter methodischer Hilfsmittel
- in der Förderung der interdisziplinären Kommunikation
- in der durch ihren operativen Charakter gegebenen Anwendbarkeit auf komplexe, zunächst unüberschaubare Zusammenhänge" (WEDEKIND 1981, S. 31).

"Unter einem System versteht man die Gesamtheit von solchen Teilen, die zueinander, zum Ganzen und in der Regel auch zur Umwelt in irgend einer Beziehung stehen, aufeinander wirken und sich gegenseitig beeinflussen" (VARJU 1977, S. 1).
Damit muß jeder Gegenstand von seiner Umwelt abgegrenzt und auf seine Eigenschaften hin analysiert werden.
In der Molekulargenetik handelt es sich um materielle, komplexe und offene Systeme:

- materiell: Die einzelnen Elemente sind substanziell vorhanden.

- komplex : Ein Vielzahl verschiedener Parameter beeinflußt diese Elemente.
- offen : Die Elemente stehen zur Systemumgebung in Verbindung.

2.3.1.2. KLÄRUNG DES SIMULATIONSBEGRIFFS

Definition:
Eine Simulation beruht auf einer Modellvorstellung und ist das Abbild eines Realsystems und seiner voraussichtlichen Verhaltens- oder Zustandsänderungen.

Die Definition umfaßt die unter 2.3.1. genannten Bedingungen. Die ihr zugrundeliegende Modellvorstellung ist von der Güte und der Anzahl bekannter Systemparameter abhängig.
Im Schulunterricht sollten nur dann Simulationen eingesetzt werden, wenn möglichst viele Parameter bekannt sind, die das Systemverhalten determinieren.
Die Definition schließt folgende Erscheinungsformen ein (nach WEDEKIND 1981, S. 63 ff.):

- Rollenspiel : Es bietet für die Beteiligten den größtmöglichsten Freiraum.
- Planspiel : Der Ablauf ist durch Regeln festgelegt
- Fallmethode : Ein statischer Realitätsausschnitt wird simuliert.
- Simulationsspiel : Als Vorlage dienen realitätsferne Bereiche.
- Gedankenexperiment : Eine Situation wird gedanklich entworfen und auf ihre Ergebnisse hin untersucht.
  Sie können als Grundlage für Computer-Simulationen verwendet werden.
- Computer-Simulation: (s.u.)

Definition:
Wird eine Simulation algorithmisch auf einem Rechner dargestellt, so spricht man von Computer-Simulation.

Die Definition enthält zwei Bedingungen:
- Eine Simulation ist als mathematischer oder formal-logischer Algorithmus darstellbar.
- Der Algorithmus wird auf einem Rechner implementiert.

2.3.2. EIGENSCHAFTEN VON COMPUTER-SIMULATIONEN

Da alle Simulationen analog zu Modellen konzipiert werden, gelten für sie auch deren Eigenschaften: Stellvertretung, Zeittransformation, Demonstration, Abstraktion und Subjektivierung.
Ausgangspunkt für Simulationen und Modelle ist eine Modellvorstellung (s. Abb. 2.10).

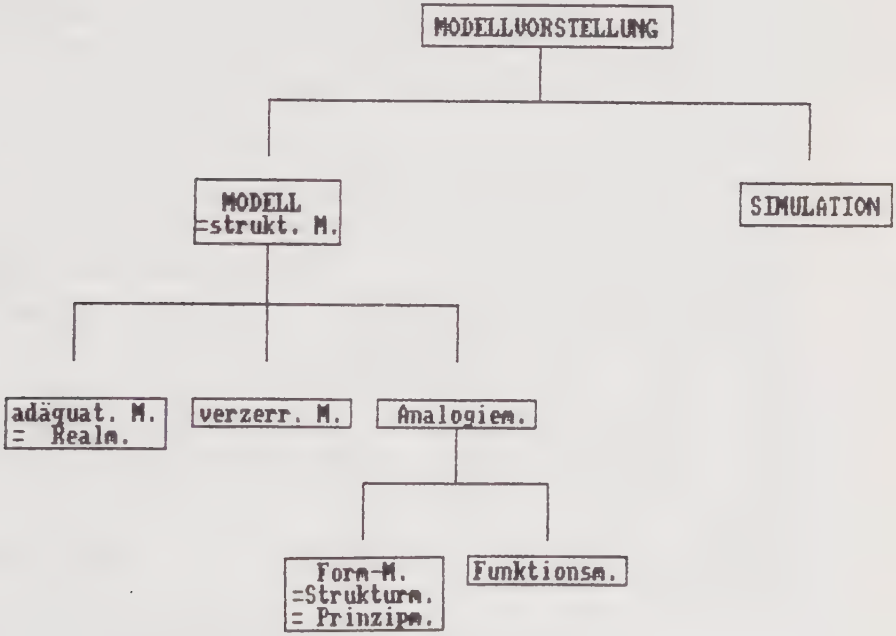


Abb. 2.10
"M." bzw. "m." steht für "Modell"
Eingliederung der Simulation in das Klassifikationsschema von Modellen (vgl. Abb. 2.7)

Entsprechend der Mediendefinition (s. Kapitel 2.1.1.) gelten Computer-Simulationen im Unterrichtseinsatz als didaktische Medien.

Eine andere Meinung vertreten u.a. FREIBICHLER (1974) und MARTENS (1976): Sie rechnen die Computer-Simulationen den Lehrstrategien zu. Die Begriffe ´Lehrstrategie´ und ´Medium´ werden von ihnen nicht oder unzureichend voneinander getrennt.

MARTENS (1978) formuliert m.E. völlig richtig: "Die Computersimulation kann für sich als Teil einer Lehrstrategie ... angesehen werden" (S. 221). Damit widerspricht er seiner Aussage, daß Computer-Simulationen Lehrstrategien seien und nicht nur deren Bestandteil (MARTENS 1976; S. 198 ff.).

Auch EINSIEDLER (1976) kritisiert diese Pauschalierung des Lehrstrategiebegriffs: "Der Begriff Lehrstrategie wird in jüngster Zeit oft pauschal als modische Ersatzbezeichnung für alle möglichen Teilaspekte der konventionellen Nomenklatur der Unterrichtsmethodik gebraucht. Eine solche Verwendung wird jedoch der Vielschichtigkeit der Unterrichtsmethodik nicht gerecht ... Die Lehrstrategien sind eine Teilmenge der Lehrmethoden. Eine Lehrstrategie ist die systematisch geplante Kombination von Lehr- und Lernaktivitäten zur kognitiven Strukturierung von Unterricht" (S. 122 f.).

Die Computer-Simulation verfügt im Vergleich zu Modellen über zusätzliche Eigenschaften:

- Ein interaktiver Dialog zwischen Rechner und Bearbeiter ist möglich.
  Durch geeignete Programmierung kann der Dialog "benutzerfreundlich" gestaltet werden (vgl. SIMON 1980, S. 23).

- "heutige Rechenmaschinen verfügen über Rechengeschwindigkeiten, Speichergrößen, Ein/Ausgabe-Geräte ... und Betriebsformen, die in weiten Grenzen die Bildung realistischer Modelle und eine ökonomische Benutzung erlauben" (SCHMIDT 1974, S. 155).
  Damit sind eine Vielzahl von Bearbeitungsmöglichkeiten unter Verwendung großer Datenumfänge in kürzester Zeit realisierbar.
- Eine hochauflösende Grafik ermöglicht die Darstellung komplexer dynamischer Strukturen.
- Alle mathematischen oder formal-logischen Algorithmen können mit einem Rechner ausgeführt werden.

2.3.3. FORDERUNGEN AN COMPUTER-SIMULATIONEN

Fur Computer-Simulationen gelten bestimmte Forderungen, die auch an Modelle gestellt werden (s. Kapitel 2.2.3.):

- Die Computer-Simulation muß in sich logisch sein. Diese Forderung ist durch die Verwendung von Algorithmen erfüllt.
- Sie sollen sachlich korrekt sein. Zwischen Realobjekt und Simulation soll zumindest eine homomorphe Beziehung bestehen.
- Computer-Simulationen sollen zweckmäßig sein, d.h.:
  - einen Sachverhalt veranschaulichen und
  - zu Denkprozessen anregen (s.u. -> heuristische Funktion)
- Sie sollen einfach, d.h. übersichtlich sein.

Zusätzlich muß gefordert werden:

- Die grafischen Möglichkeiten des Rechners müssen genutzt werden. Es sollten nur Rechner mit hochauflösender Grafik verwendet werden (mind. 320 x 200 Punkte !).
- Große Komplexität einer Simulation "ist Voraussetzung für große Wirklichkeitsnähe bei der Abbildung eines komplexen Systems" (WEDEKIND 1981, S. 74).

2.3.4. FUNKTIONEN VON COMPUTER-SIMULATIONEN

Auch Computer-Simulationen dienen der Erkenntnisgewinnung, der Erkenntnisvermittlung oder der Regulation (vgl. Modellfunktionen).
Sie sollten in jedem Fall steuerbar sein. Grundsätzlich sind zwei Steuerungsmöglichkeiten denkbar:

- Lehreraktivität: Der Lehrer verlangsamt die Simulation, hält sie an oder lenkt sie in eine bestimmte Richtung.
- Schüleraktivität: Schüler testen ihre Modellvorstellungen in einer Simulation; der Rechner gibt Rückmeldungen.

Beim Einsatz in der Schule werden beide Simulationsmöglichkeiten zur Erkenntnisgewinnung und -vermittlung eingesetzt. Wie schon erwähnt, sind die Grundbegriffe eines Erkenntnisprozesses Erfahrung und Anschauung (vgl. Kapitel 2.2.5.).

1. Funktionen, die der Veranschaulichung dienen (vgl. HILLE 1978, S. 191 ff.; 1980, S. 43 ff.):

- Abstrahierungsfunktion
  Das zielgerichtete Abziehen wesentlicher von unwesentlichen Komponenten bzw. Eigenschaften eines Ganzen wird als Abstraktionsvermögen bezeichnet.
  Da eine Simulation ja bereits ein Abstraktionsprodukt ist, wird dem Lernenden somit eine große Hilfe gegeben: Er muß nicht mehr zwischen Wesentlichem und Unwesentlichem unterscheiden. Damit liegt die Entscheidung über die Güte einer Simulation beim Autor. Je höher die Güte ist, desto leichter fällt nachher der Tranfer zum Realobjekt.

- Abbildungsfunktion

  Die Simulation ist sowohl Abbild eines Realobjektes als auch dessen Konkretisierung. Die wesentlichen Aspekte des Originals werden hervorgehoben. Aufgrund der Komplexität der Welt ist diese Funktion dringend notwendig, um die Informationsfülle zu reduzieren.

- Transparenz

  Einsicht in die Simulationsstruktur ist nur bedingt möglich. Denn je komplexer eine Simulation ist, desto schwerer ist es, die ihr zugrunde liegende Strukturierung zu erfassen.

- Dynamik

  In einer Simulation können gerade dynamische Prozesse sehr gut dargestellt werden. Komplexe Abläufe können zeitlich gedehnt und somit übersichtlicher strukturiert werden. Zugleich wird von den Schülern eine hohe Beweglichkeit des Denkens erwartet: Sie müssen die Teilabläufe und deren Beziehungen untereinander verstehen und sie sinnvoll in das Ganze integrieren können.

2. Funktionen, die der Vermittlung von Erfahrung dienen:

- Aspektvielfalt

  Mangelnde Problemlösungskompetenz ist häufig auf eine Reduktion der zugrunde liegenden Aspekte zurückzuführen. Simulationen, die zahlreiche Bedingungen berücksichtigen, tragen deutlich zur Sensibilisierung gegenüber einer Aspektmannigfaltigkeit bei.

  Schüler bearbeiten und erkennen nicht nur die simulationsbestimmenden Aspekte, sondern können oft schon ihre Grenzen beschreiben. Tritt dies ein, so ist für eine verbesserte Version zu sorgen.

- Heuristische Funktion

  Diese Funktion gilt nur für die Computer-Simulationen, die Schüleraktivität fordern.

  Da Grundlage jeder Simulation ein mathematischer oder formal-logischer Algorithmus ist, eignen sie sich besonders gut zum Training heuristischer Techniken.

  MÜLLER (1974) empfiehlt folgendes Vorgehen:

  - Zielanalyse: wird in der Regel vom Lehrer gegeben
  - Situationsanalyse: Die Schüler versuchen, mit Hilfe von Modellvorstellungen wichtige Beziehungen und Bedingungen in der Simulation zu erkennen.
  - Lösung: Eine Modellvorstellung wird selektiert. Damit soll das Problem gelöst werden. Wird das Ziel nicht erreicht, muß die Situation neu analysiert werden.
  - Darstellung des Lösungswegs: Schwierigkeiten bei der Problemlösung werden genannt, andere Möglichkeiten ergänzt.

  "Im Prinzip entspricht dem ´äußeren´ Vorgang der sukzessiven Modellverbesserung die ständige Verbesserung des ´inneren Modells´ aufgrund systematischer Hypothesenbildung und -überprüfung bei Denk- und Problemlösungsprozessen. Die ständige Verbesserung ´innerer´ Modelle ist das Grundprinzip menschlichen Erkenntnisfortschritts" (SIMON, 1980).

2.3.5. KURZER GESCHICHTLICHER ABRISS VON COMPUTER-SIMULATIONEN IM UNTERRICHT

Seit 1960 wurden Individualisierung und Objektivierung als didaktische Ziele für den Unterrichtseinsatz von Computer-Simulationen genannt.

ZIELINSKI (1971) versteht unter Individualisierung:

- Die Lernmaterialien sind für den individuellen Lernprozeß gedacht.
- Die Lernziele sind abhängig vom Lernenden.
- Dieser bestimmt das Tempo des Lernvorgangs.
- Es finden keine Selbst- und Fremdkontrollen statt.

Objektivierung meint die Verwendung von Medien, die den Lehrer für die Dauer des Einsatzes überflüssig machen.

Als praktisches Resultat dieser Überlegungen wurden programmierte Unterrichtseinheiten entworfen. Der Computer wurde als Medium eingesetzt.

Methodische Ziele waren:

- die Verwendung eines anderen Mediums als der Person des Lehrers
- Minimierung der Lernzeit
- Vermittlung möglichst vieler kognitiver Lernziele

Die Kreativität und das aktive Problemlosen seitens der Schüler wurden stark vernachlässigt.

In den siebziger Jahren wurde das Medium "Computer-Simulation" nur noch additiv verwendet. Es diente als "Werkzeug zur Wissensvermittlung", das von den Schülern interaktiv genutzt werden sollte (FISCHER 1977).

Für den Einsatz im Unterricht sollten folgende Aspekte berücksichtigt werden (vgl. WEDEKIND 1981, S. 86):

- In welchem Themenbereich kann der Computer mit welchem Inhalt eingesetzt werden ?
  (Eine aktuelle Liste möglicher Themen ist in MNU 4/1985 S. 285 f. zu finden !)
- "Welche Ziele und Inhalte lassen sich durch den Computereinsatz besser als bisher vermitteln ?" (WEDEKIND a.o.O.)

Aus dem erziehungswissenschaftlichen Bereich sind zwei Arbeiten bekannt, die sich mit diesen Fragen beschäftigt haben (BREUER 1979 und WEDEKIND 1981).
Meines Wissens gibt es bis heute keine Untersuchung, die die Effektivität von Computer-Simulationen mit anderen Medien im Biologieunterricht vergleicht.

1973 wurde im Hochschul- und Schulbereich das Fach 'Informatik' eingeführt.

Ab 1978 trat eine Wende in der didaktischen Beurteilung von Computer-Simulationen ein, die WEDEKIND (1981) als "neue Kulturtechnik" bezeichnet. Er versteht darunter den Einsatz des Mediums Computer, dessen Beherrschung für die Lösung von 'Alltagsproblemen' notwendig geworden ist.
Mitgetragen wurde dieser Wandel von allen Herstellern, die immense Mengen von Home- und Personal-Computern zu erschwinglichen Preisen auf den Markt brachten (s. Kapitel 2.3.6.).
Es lassen sich folgende Unterschiede zu früher erfolgten Einsätzen feststellen:

- motivierende Wirkung durch anspruchsvolle Grafikpräsentation
- Aktivitäten des Lernenden
- Aufforderung zu Denkprozessen

Wurde früher der Rechner-Einsatz im Unterricht als "Computer-unterstützte Simulation (CUS)" bezeichnet, so wird dies heute "CUU (: Computer-unterstützter Unterricht)" (SIMON 1980) genannt. Damit soll die unterrichtsbegleitende Funktion von Computern im Sinne eines mediendidaktischen Komplementationsmodells (s. Kapitel 2.1.3.) betont werden.

Empirische Bestätigung erfahren die neueren Tendenzen durch Erfahrungsberichte aus den USA und Großbritannien, die hervorheben, daß Simulationsprogramme die intrinsische Motivation stark fördern (vgl. McKENZIE/ELTON/LEWIS 1978).

Ein Modellversuch der Universität Tübingen, der Lehrveranstaltungen naturwissenschaftlicher Fächer mit Computer-Simulationen unterstützte, ergab folgende Resultate (SIMON 1980):

- Die intrinsische Motivation war bei den Studenten stark ausgeprägt.
- Dadurch wurde auf Dauer ein besseres Problemlösungsverhalten bedingt.
- Das durch Simulationen erworbene Wissen war besser aktualisierbar.
- Bewegliches Denken, d.h. ein reger Wechsel der Bearbeitungsaspekte wurde gefördert.

2.3.6. BENUTZTE HARD- UND SOFTWARE

Die Programme sind auf einem Schneider CPC 464 in BASIC geschrieben.

Folgende Gründe sprechen für diesen Rechner:

- Er besitzt ein günstiges Preis- Leistungsverhältnis. Kein Rechner in dieser Preisklasse konnte bislang eine derart gute Grafikauflösung (640 x 200 Punkte !) bieten.
  Selbst für den wesentlich teureren IBM PC ist diese Grafikmöglichkeit nur gegen Aufpreis zu erhalten.
- Die BASIC-Befehle entsprechen denen großer Personal-Computer (z.B. IBM PC oder SIEMENS PC) weitgehend.
- Im Mai 1985 stand der Schneider CPC 464 in der Bundesrepublik auf Platz 3 der Verkaufsliste (s. Abb. 2.11).
  Die Rechner, die auf Platz 1 und 2 stehen, also Commodore und Apple, sind wesentlich länger auf dem Markt als der Schneider, den es erst seit September 1984 gibt.
  Der einzige Grund, der für den Kauf dieser Computer besteht, ist die weite Verbreitung der Rechner und damit die Zugriffsmöglichkeit auf ein riesiges Software-Angebot.
  Da alle Programme selbst erstellt wurden, entfiel dieses Argument bei der Auswahl eines geeigneten Computers.

Hersteller	Haushalte	Prozentzahl der Comp.anteile
Commodore	553 000	51.3
Apple	75 000	6.9
Schneider	45 000	4.2
Hewlett Packard	41 000	3.8
Sinclair	38 000	3.6
IBM	25 000	2.3

Abb. 2.11
Zahl deutscher Haushalte mit Heim- und Personal-Computern
(Auszug aus: FAZ, 25.5.1985)

2.4. VORHANDENE MODELLE UND FILME ZUR MOLEKULARGENETIK

2.4.1. VORHANDENE MODELLE

In diesem Kapitel sollen 8 verschiedene Modelle zur Molekulargenetik beschrieben und kritisch untersucht werden.

2.4.1.1. DAS STECKPERLEN-MODELL

(SCHLÜTER; Modell-Nr. 107; Winnenden; 1977 bei SCHLÜTER erschienen)

● Darstellung:

Das Modell soll den DNA-Aufbau demonstrieren.
Es besteht aus verschiedenen farbigen Perlen, die auf der Ebene in allen vier Richtungen aneinandergesteckt werden können. Jedes Basen-, Zucker- und Phosphatmolekül besitzt eine eigene Farbe.
Aus diesen Teilen kann somit ein kurzer DNA-Dopplestrang-Abschnitt veranschaulicht werden (s. Abb. 2.12).

● Kritik:

- Es wird nicht deutlich, daß als Bausteine Nukleosid-Triphosphate verwendet werden.
- Zucker-, Phosphat- und Pyrimidinmoleküle sind gleich groß dargestellt. Eine Differenzierung ist nur anhand der Farbe möglich.
- Die einzelnen Purin- bzw. Pyrimidinbasen können nur farblich unterschieden werden.
- Alle Moleküle werden zusammengesteckt. Zwischen den einzelnen Bindungsarten wird nicht differenziert, auch die Wasserstoffbrücken werden gesteckt.

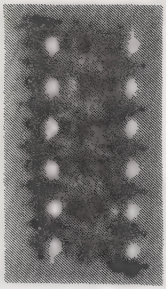


Abb. 2.12
Steckperlen-Modell der DNA
Gleichartige Moleküle haben dieselbe Farbe.
(Die Quelle dieses Modells ist nicht mehr zu eruieren. Ein ähnliches Modell erscheint bei SCHLÜTER: Modell-Nr. 107; Preis: 11.75 DM)
schwarz: Phosphor; weiß: Desoxyribose; grün und rot: Purinbasen; gelb und blau: Pyrimidinbasen

2.4.1.2. DNA-MODELL

(SCHLÜTER; Modell-Nr. 101; Winnenden; 1977 bei SCHLÜTER erschienen)

▶ Darstellung:

Das Modell stellt die räumliche Struktur der DNA dar.
Die verschiedenen Moleküle sind durch unterschiedliche Farben kenntlich gemacht (s. Abb. 2.13).
Schon die Form dokumentiert das Prinzip des chemischen Aufbaus:

- Zucker : Fünfeck => Pentose
- Purine : Neuneck => zwei Kohlenstoff-Ringe
- Pyrimidine: Sechseck => ein Benzol-Ring

Die einzelnen Purine bzw. Pyrimidine sind farblich voneinander differenziert.
Die einzelnen Komponenten werden durch Steckverbindungen ineinandergefügt. Die Wasserstoffbrücken-Bindungen sind durch besondere Stecker angedeutet.

● Kritik:

- Die Wasserstoffbrücken halten fester zusammen als alle anderen Bindungen.
- Die Pentose ist als Fünfeck dargestellt. Nach chemischer Darstellung befindet sich ein Sauerstoffatom an der exponierten Position. Es sieht so aus, als ob eine Base an diesem Sauerstoffatom gebunden ist.
- Eine vollständige Windung enthält 10 Basenpaare (KNIPPERS, 1982). In diesem Modell enthält schon eine halbe Drehung 7 Basenpaare. Aus Stabilitätsgründen ist eine weitere Eindrehung der DNA nicht möglich.

- Die Achse der Doppelhelix liegt im Modell zwischen komplementären Basen, statt von den Basenpaaren "umwunden" zu werden (vgl. Abb. 5.2).
- Aufgrund des hohen Preises können in der Regel nicht mehrere Modelle angeschafft werden.
  Aber auch dann wäre der Zusammenbau im Unterricht nicht zu empfehlen, da:
  - die Synthese zuviel Zeit für geringe sachliche Erkenntnisse beansprucht und
  - das Ergebnis der Schülerarbeit durch die Modellkonzeption nicht eindeutig vorgegeben ist (s. Darstellungsfehler im Modell - Abb. 2.13).

Abb. 2.13
DNA-Modell
SCHLÜTER; Modell-Nr. 101; Preis: 336.30 DM
(Darstellungsfehler: An der Basis des rechten Stranges, dem 5'-Ende, fehlt ein Phosphatmolekül !)

2.4.1.3. DNA-MODELL

(PHYWE;Modell-Nr. 65560.00; Göttingen; ca. 1963 erschienen - ein genauer Zeitpunkt konnte von PHYWE nicht genannt werden)

● Darstellung:

Das Modell stellt die räumliche Struktur der DNA dar.
Die einzelnen Bausteine sind geometrisch und farblich differenziert (s. Abb. 2.14):

- Zucker : unregelmäßiges Neuneck
- Phosphor : Viereck
- Purine : Neuneck => zwei Kohlenstoffringe
- Pyrimidine : Sechseck => ein Benzol-Ring

Die Asymmetrie des Zuckers gibt eine Hilfestellung für die Anlagerung des Phosphors am 3'-Ende.
Das Modell bekommt durch zwei dünne Kunststoffholme Stabilität. Auf diese werden die Zucker- und Phosphorbausteine gesteckt.
Die kovalente Bindungen zwischen Basen-Zucker und die Wasserstoffbrucken-Bindungen sind durch kleine Plastikhaken dargestellt.
Eine vollständige Windung umfaßt 10 Basenpaare.

● Kritik:

- Phosphor- und Zuckerbausteine sind nur durch die Kunststoffholme miteinander verbunden. Das ist zur Darstellung einer kovalenten Bindung ungeeignet.
- Die kovalente Bindung zwischen Base-Zucker wird genauso durch Haken angedeutet, wie die Wasserstoffbrücken-Bindung.

- Die Helixachse liegt zwischen komplementären Basen, statt von den Basenpaaren "umwunden" zu werden (vgl. Abb. 2.14).
- Aufgrund des hohen Preises können in der Regel nicht mehrere Modelle angeschafft werden.
- Der Zusammenbau im Unterricht ist nicht zu empfehlen, da:
  - zuviel Zeit für die Synthese für geringe sachliche Erkenntnisse beansprucht wird und
  - das Ergebnis der Schülerarbeit nicht eindeutig vorgegeben ist (Anordnung des Phosphors am 3'- und/oder am 5'-Ende des Zuckers möglich !).

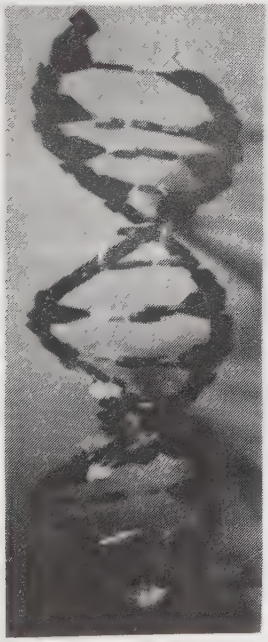


Abb. 2.14
DNA-Modell
PHYWE; Modell-Nr. 65560.00; Preis: 498.-DM

2.4.1.4. DNA- UND PROTEIN-SYNTHESE-MODELL

(PHYWE: Modell-Nr. 65562.00; Göttingen; ca. 1963 erschienen - ein genauer Zeitpunkt konnte von PHYWE nicht genannt werden)

● Darstellung:

▶ DNA-Aufbau und Replikation:

Das Modell besteht aus kleinen Kunststoffplättchen, die an der Rückseite mit einem Magneten versehen sind. Damit kann das Modell an einer Hafttafel eingesetzt werden.

Die einzelnen Teile des Modells können untereinander mittels Haken verbunden werden.

Ein Plättchen stellt einen DNA-Baustein dar, bestehend aus: 1 Zucker-, 1 Phosphat- und 1 Basenmolekül (s. Abb. 2.15.1).

Alle drei Komponenten haben unterschiedliche Formen.

Die Zucker sind durch Fünfecksymbole als Pentosen deutlich gemacht.

Eine Einteilung der Basen in Purine und Pyrimidine ist anhand der Größe möglich. Die einzelnen Purine bzw. Pyrimidine sind durch verschiedene Farben kenntlich gemacht.

▶ Transkription:

Zwischen der Desoxyribose und der Ribose wird farblich unterschieden. Der Unterschied zwischen Thymin und Uracil wird auch durch andere Farben hervorgehoben.

▶ Translation:

Ein zusammenhängendes RNA-Triplett mit einer daran gebundenen Aminosäure stellt eine Aminoacyl-tRNA dar (s. Abb. 2.15.2).

Die Aminosäuren sind nur symbolisch differenziert.

Die Aminosäuren werden über Haken verknüpft, das Triplett verläßt die mRNA (s. Abb. 2.15.3).

● Kritik:

▶ DNA-Aufbau und Replikation:
- Es wird nicht deutlich, daß als Bausteine Nukleosid-Triphosphate verwendet werden.
- Die Wasserstoffbrücken zwischen komplemetären Basen sind nicht berücksichtigt.
- Es sieht so aus, als ob die Zuckermoleküle über das C1- und das C5-Atom mit den Phosphaten verbunden sind. Die Basen waren demnach am C2- bzw. C3-Atom mit dem Zucker verbunden.
- Material: die Haken, sowie einzelne Segmente der Bausteine brechen leicht ab.

▶ Transkription:
- Initiation und Termination bleiben unberücksichtigt.
- Die Abspaltung zweier Phosphatreste/Nukleotid fehlt in der Darstellung.

▶ Translation:
- Im Modell fehlt eine tRNA. Ein RNA-Triplett ist direkt mit einer Aminosäure verbunden.
- Es ist nicht zu erkennen, um welche Aminosäure es sich jeweils handelt.
- Start- und Stopptripletts werden im Modell nicht berücksichtigt.
- Bei der Aminosäure-Aktivierung wird der energetische Aspekt vernachlässigt.

Abb. 2.15.1
DNA-Synthese-Modell: DNA-Replikation
PHYWE; Modell-Nr. 65562.00; Preis: 515.30 DM

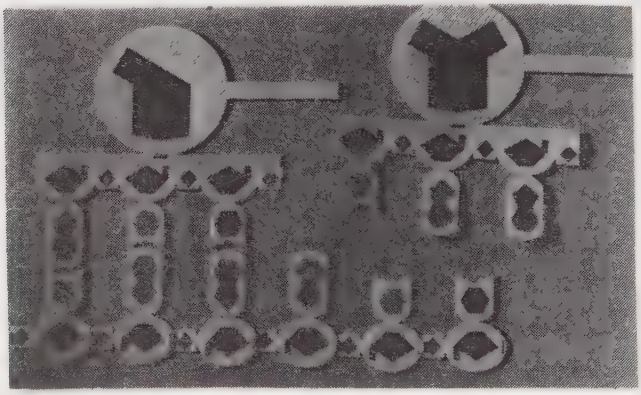


Abb. 2.15.2
DNA-Synthese-Modell: Translation I
An eine mRNA lagern hat sich eine ´passende´ Aminoacyl-tRNA angelagert. Eine zweite setzt sich daneben.
PHYWE; Modell-Nr. 65562.00; Preis: 515.30 DM

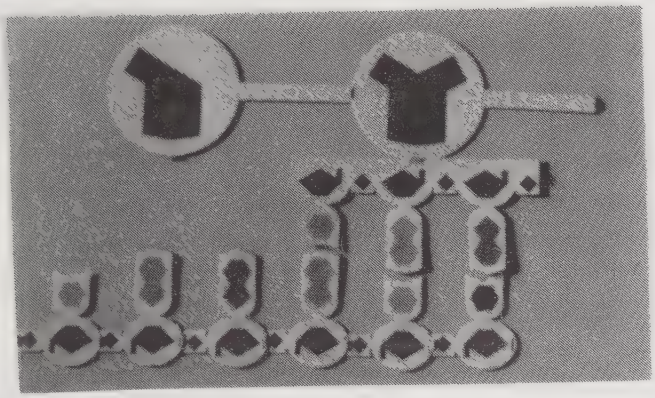


Abb. 2.15.3
DNA-Synthese-Modell: Translation II
Die beiden Aminosäuren sind verbunden. Die "entladene" tRNA hat sich entfernt.
PHYWE; Modell-Nr. 65562.00; Preis: 515.30 DM

2.4.1.5. DNS- UND EIWEIßSYNTHESE-BAUKASTEN

(MBM; Modell-Nr. 601251.00; Hofheim a. Ts.; 1978)

● Darstellung:

► DNA-Aufbau und Replikation:

Die Bausteine bestehen aus Acryl und sind auf der Rückseite mit Magneten versehen. Auf einer Magnettafel werden die einzelnen Teile aneinandergelegt.

Die Bausteine sind farblich differenziert (s. Abb. 2.16.1). Die Form soll das Prinzip des chemischen Aufbaus repräsentieren:

- Zucker : Fünfeck => Pentose
- Phosphor : Kreuzform => am Phosphoratom sind 4 Atome bzw. Atomgruppen gebunden (3 OH-Gruppen; 1 O-Atom)
- Purine : Neuneck => ein Benzol-Ring
- Pyrimidine: Sechseck => zwei Kohlenstoffringe

Wasserstoffbrücken-Bindungen sind angedeutet, andere Bindungen sind nicht berücksichtigt.

Atom-Gruppen, die für Bindungen von Bedeutung sind, sind herhervorgehoben.

► Transkription:

Die Ribose ist durch einen schwarzen Punkt von der Desoxyribose farblich abgehoben (vgl. Abb. 2.16.2).

Uracil ist durch einen weißen Punkt von Thymin unterschieden.

► Translation:

Die beiden Untereinheiten eines Ribosoms sind im Modell deutlich hervorgehoben (s. Abb. 2.16.2).

An das Symbol einer tRNA, deren Anticodon aus den Zucker-, Phosphor- und Basenbausteinen (s.o.) beliebig zusammengesetzt werden kann, wird eine passende Aminosäure (im Bausatz sind 3 enthalten) geschoben.
Diese Aminoacyl-tRNA lagert sich an der großen Ribosomenuntereinheit komplementär zur mRNA an.

● Kritik:

▶ DNA-Aufbau und Replikation:
- Alle Teile liegen lose nebeneinander. Bindungen sind nicht berücksichtigt.
- Da der Hersteller in dem Beiheft zum Modell immer wieder andeutet, daß die Form der Bausteine analog zur chemischen Darstellung ist, soll diese Aussage analysiert werden:
  - Die Darstellung des Zuckers als Fünfeck läßt eine Analogie zur chemischen Struktur vermuten. Dann befände sich am C1-Atom eine HCOH-Gruppe (sonst: C6-Atom), da sich dort ein Balken befindet, der größer ist als die beiden anderen am C3- und C5-Atom (vgl. Abb. 2.13.1).
  - Nach dieser Darstellung wäre ein Zuckermolekül über ein C1- und ein C6-Atom mit den benachbarten Phosphormolekülen verbunden. Die Base wäre am C3-Atom gebunden.
- Schüleraktivitäten:
  - Die Synthese eines DNA-Abschnittes muß sich an einer Vorlage orientieren. Das Modell selbst bietet keinen Anhaltspunkt.
  - Wird nach Vorlage gearbeitet, so werden wahrscheinlich die Teile direkt aneinandergelegt, ohne darauf zu achten, daß Nukleotide die Bausteine der DNA sind.

► Transkription:

- Der Unterschied zwischen Ribose und Desoxyribose ist durch einen schwarzen Punkt dargestellt. Besser wäre es gewesen, wenn statt dessen am C2-Atom ein kleiner Balken auf die OH-Gruppe an diesem Ribose-Atom hinweisen würde.
- Initiation und Termination bleiben unberücksichtigt.

► Translation:

- Auf das Ribosom paßt nur ein Triplett.
- Die tRNAs sind so variabel dargestellt, daß es scheint, als ob an ein "Grundgerüst" verschiedene Anticodons und Aminosäuren gebunden werden.
  Die Zuordnung einer bestimmten Aminosäure zu einer tRNA ist vom Modell nicht determiniert.
- Start- und Stopptripletts sind im Modell nicht berücksichtigt, können allerdings aufgrund der "variablen" tRNAs Erwähnung finden.
- Die wenigen Aminosäuren sind nur symbolisch unterschieden. Eine Benennung ist vom Modell her nicht möglich.
- Der energetische Aspekt der Aminosäure-Aktivierung bleibt unberücksichtigt.

Abb. 2.16.1
DNA-Synthese
Der DNA-Doppelstrang wird geöffnet und Nukleosid-Monophosphate ergänzen die Einzelstränge komplementär.
MBM; Modell-Nr. 601251.00; Preis: 670.-DM (Inhalt: Material zur DNA- und mRNA-Synthese)

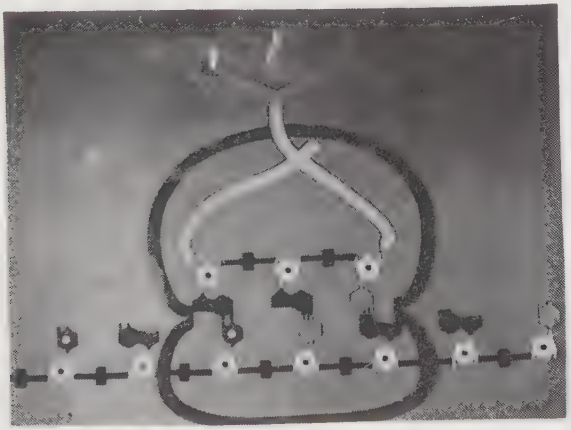


Abb. 2.16.2
Eiweißsynthese
An einem Ribosom haben sich eine mRNA und eine Aminoacyl-tRNA, deren Anticodon komplementär zu einem gegenüberliegenden mRNA-Triplett ist, angelagert.
MBM; Modell-Nr. 601251.00; Preis: 300.-DM (Umfang: Material zur Darstellung eines Ribosoms, drei tRNAs und 3 Aminosäuren)

2.4.1.6. NUCLEINSÄUREN - PROTEINBIOSYNTHESE
(Klett; MAM-Box II; Stuttgart; 1981)

● Darstellung:

► DNA-Aufbau und Replikation (Lernset 1):
Als Bausteine werden Nukleotide verwendet (s. Abb. 2.17.1). Sie bestehen aus stabiler Pappe, die mit einer Klarsichthülle überzogen ist. Die DNA-Nukleotide sind auf der Vorder- und Rückseite mit Magneten versehen (s.u.), alle anderen Teile nur auf der Rückseite.
Das Modell ist so konstruiert, daß die DNA-Synthese nur in einer Form vollzogen werden kann. Es werden keine weiteren Hilfsmittel benötigt.
Geometrisch und farblich werden Zucker-, Phosphor-, Purin- und Pyrimidinmoleküle unterschieden. Die Fünfeckdarstellung des Zuckers läßt auf eine Pentose schließen.
Die Wasserstoffbrücken-Bindungen sind durch verschiedene Passformen komplementärer Basen differenziert. Dadurch sind komplementäre Basen eindeutig zu erkennen.
Da als Symbol für das Phosphormolekül ein Kreis gewählt wurde, läßt sich das Auseinanderweichen der DNA-Einzelstränge bei der Replikation gut darstellen.

► Transkription:
Um die Transkription zu veranschaulichen, wird ein Teil eines DNA-Stranges nach oben umgeklappt (s. Abb. 2.17.2). Aus diesem Grund sind Vorder- und Rückseite der Nukleotide mit Magneten versehen.
Entsprechend der Vorlage wird ein dazu komplementäres Transkript synthetisiert.
Der Unterschied zwischen Uracil und Thymin ist ebenso wie der zwischen Ribose und Desoxyribose farblich dargestellt.

▶ Translation:

Das Ribosom wird im Modell nicht berücksichtigt.

Die Primärstruktur von tRNAs ist geometrisch angedeutet: Es sind drei Schleifen erkennbar (s. Abb. 2.17.3).

Die Nukleotidfolge der tRNA-Anticodons ist hervorgehoben, so daß komplementäre Tripletts zur mRNA gefunden werden können.

Jede tRNA hat eine bestimmte Farbe, die auf die zugehörige Aminosäure hinweist.

Die verschiedenen Aminosäuren sind sowohl farblich als auch geometrisch voneinander unterschieden. Zudem kann noch zwischen Amino- und Carboxyl-Gruppe differenziert werden (s. Abb. 2.17.3).

Jede Aminosäure ist durch eine Abkürzung benannt.

● Kritik:

▶ DNA-Aufbau und Replikation:

- Als Bausteine dienen anstelle von Nukleosid-Triphosphaten Monophosphate. Die Notwendigkeit der Abspaltung zweier Phosphatreste bleibt unberücksichtigt.
- Kovalente und Wasserstoffbrücken-Bindungen werden nicht unterschieden.

▶ Transkription:

- Initiation und Termination werden mit dem Modell nicht geklärt.
- Die Abspaltung zweier Phosphatreste/Nukleotid fehlt in der Darstellung (s. Replikation).

► Translation:

- Die Bedeutung von Start- und Stopptripletts kann nicht mit dem Modell erarbeitet werden.
- Eine Symbol für formyliertes Methionin ist im Modell nicht enthalten.
- Der energieverbrauchende Aspekt der Aminosäure-Aktivierung bleibt unbeachtet.

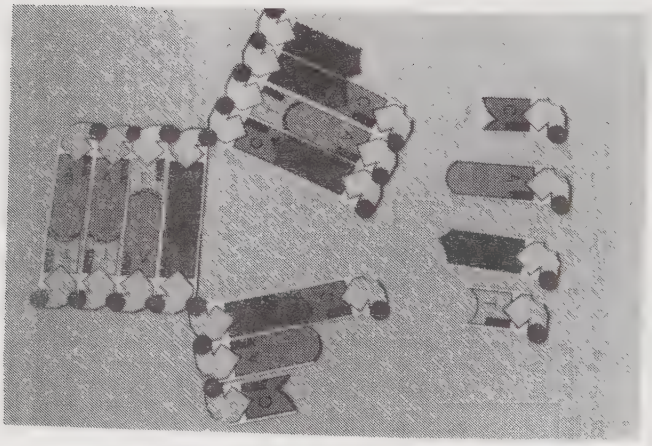


Abb. 2.17.1
Nucleinsäuren - Bau und Funktion: DNA-Replikation
Die Einzelstränge der DNA werden durch Nukleotide jeweils komplementär ergänzt.
KLETT; MAM-Box III; Lernset 1; Modell-Nr. 99838; Preis: 122.-DM

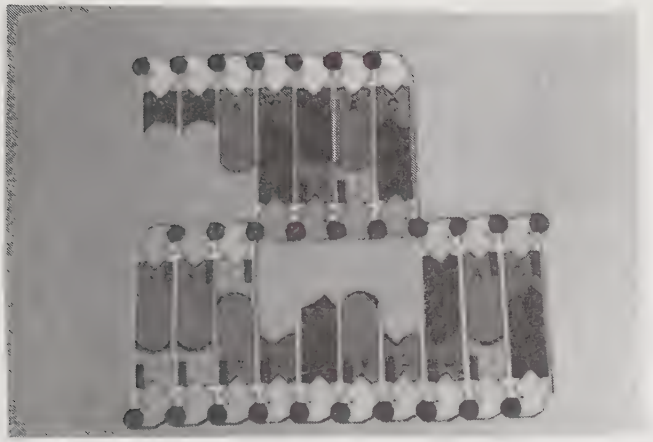


Abb. 2.17.2
Nucleinsäuren - Bau und Funktion: Transkription
Der zu transkribierende DNA-Abschnitt wird nach oben geklappt und komplementär mit Ribonukleotiden ergänzt.
KLETT; MAM-Box III; Lernset 1; Modell-Nr. 99838; Preis: 122.-DM

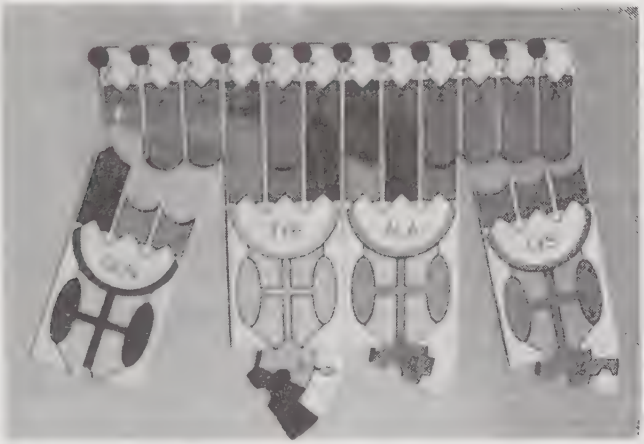


Abb. 2.17.3
Proteinbiosynthese
In einem Bild ist die Anlagerung der Aminoacyl-tRNA, der Zustand an der P- und A-Stelle und die Ablösung einer "entladenen" tRNA dargestellt.
KLETT; MAM-Box III; Lernset 2; Modell-Nr. 99839; Preis: 122.-DM

2.4.1.7. DER BIOKIT

(SCHWEITZER Verlag; ISBN 3-88709-137-X; München; 1985)

● Darstellung:

▶ Biodisc:

Mit Hilfe der Biodisc kann (s. Abb. 2.18.1):

- für jede tRNA anhand des Anticodons die zugehörige Aminosäure gefunden werden.
- für jede Aminosäure das bzw. die Anticodone der zugehörigen tRNAs ermittelt werden.
- gezeigt werden, welches mRNA-Triplett welche Aminosäure kodiert.
- demonstriert werden, welche Aminosäure durch welche Tripletts kodiert wird.

Sie ist einfacher zu handhaben als ein "Code-Lexikon" (s. Abb. 4.15).

▶ Proteinbiosynthese:

Das Modell besteht aus Pappteilen, die mit einer Klarsichthülle überzogen sind. Sie müssen aus einem vorgestanzten Blatt herausgedrückt werden.

Zuerst wird mittels doppelseitigem Klebeband eine mRNA synthetisiert. Dazu werden die Basensymbole auf ein längeres Pappstück geklebt (s. Abb. 2.18.2).

Die tRNAs müssen ebenfalls mit Anticodon und entsprechender Aminosäure versehen werden (mit Hilfe der Biodisc !).

Komplementäre Basen sind anhand ihrer geometrischen Form zu erkennen.

Am Ribosom, dessen Untereinheiten erkennbar sind, sind die Anlagerungsstellen für die mRNA und die Aminoacyl-tRNAs angedeutet (vgl. Abb. 2.18.2).

Jede Aminosäure ist durch eine bestimmte Farbe charakterisiert. Zudem kann zwischen Amino- und Carboxyl-Gruppe differenziert werden.
Bei der Elongation wird die Aminosäure vom doppelseitigen Klebestreifen der tRNA gelöst und statt dessen auf einen zweiten Klebestreifen gedrückt, der die wachsende Aminosäurekette verbindet (s. Abb. 2.18.3).

● Kritik:

▶ Biodisc:
- Das mRNA-Triplett GUG kodiert nur Valin. Es bleibt unberücksichtigt, daß es als Startriplett f. Methionin kodiert.
- Da ein "Code-Lexikon" in den meisten Biologie-Oberstufenbänden abgebildet ist, sollte anstelle der Disc dieses kurz erläutert werden.

▶ Proteinbiosynthese:
- Es wird nicht zwischen Purin- und Pyrimidinbasen unterschieden.
- Die weiteren Bestandteile eines mRNA-Stranges (Zucker, Phosphor) werden nicht angedeutet.
- Bindungen werden nicht berücksichtigt.
- Die Symbole für die mRNA und die tRNA sind so abstrakt gewählt, daß keine Rückschlüsse auf deren Struktur möglich sind.
- Der energetische Aspekt der Aminosäure-Aktivierung bleibt unberücksichtigt.
- Die Bedeutung von Start- und Stopptripletts kann mit dem Modell nicht erarbeitet werden.
- Ein Symbol für formyliertes Methionin ist im Modell nicht enthalten.

- Material: Die einmal aufgeklebten Basen (auf einen Pappstreifen -> mRNA) und die Aminosäuren (an den tRNAs) lassen sich schlecht wieder lösen, d.h. die Pappstücke können beim Ablösen zerreißen. Aus diesem Grund wird das Modell nicht sehr häufig in der Schule einsetzbar sein.

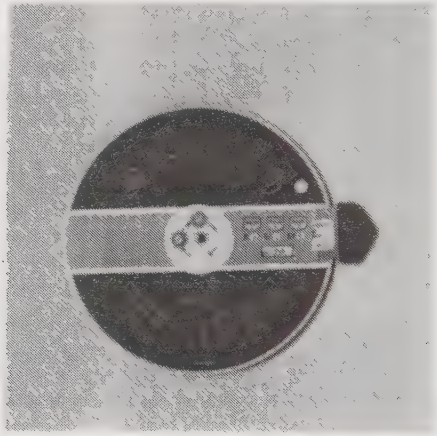


Abb. 2.18.1
Biodisc
Durch Herausziehen bzw. Hereindrücken der roten Pfeilspitze kann zwischen Codon und Anticodon gewählt werden.
Durch Drehen der Scheibe werden dann den jeweiligen Tripletts Aminosäuren zugeordnet.
Modell aus: "Der Biokit-Eine Reise in die Molekularbiologie"; Schweitzer Verlag; München; 1985; Preis: 26.80 DM

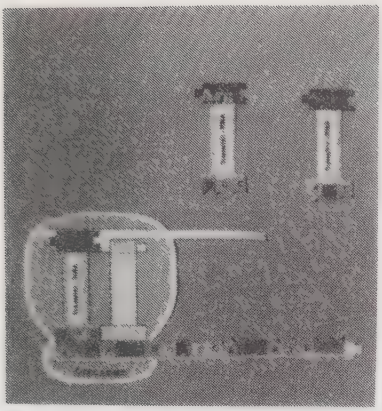


Abb. 2.18.2
Proteinbiosynthese
Die mRNA und eine erste Aminoacyl-tRNA haben sich am Ribosom angelagert. Ein Klebestreifen soll die entstehende Aminosäurekette verbinden.
Modell aus: "Der Biokit-Eine Reise in die Molekularbiologie"; Schweitzer Verlag; München; 1985; Preis: 26.80 DM

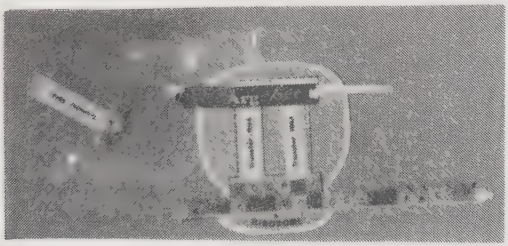


Abb. 2.18.3
Proteinbiosynthese II
Die mRNA ist um ein Triplett weitergerutscht.
Eine tRNA ist "entladen". Die Aminosäurekette wächst.
Modell aus: "Der Biokit-Eine Reise in die Molekularbiologie"; Schweitzer Verlag; München; 1985; Preis: 26.80 DM

2.4.1.8. EIWEISS-SYNTHESE-MODELL

(SCHLÜTER; Modell-Nr. 108; Winnenden; 1977 bei SCHLÜTER erschienen)

● Darstellung:

► Transkription:

Das Modell besteht aus Pappe. Auf einem zusammenklappbaren "Spielbrett" sind Zellkern und Ribosomen schematisch dargestellt (s. Abb. 2.19.1).

Die Transkription vollzieht sich an einem DNA-Einzelstrang (blau). Ribonukleotide (gelb) lagern sich an.

Beim DNA-Einzelstrang und bei den Ribonukleotiden lassen sich die Basen, aufgrund unterschiedlicher geometrischer Form, differenzieren.

Die Ribonukleotidbausteine können ineinandergeschoben werden (= verknüpft werden).

► Translation:

Die mRNA verläßt den Zellkern durch Poren und lagert sich an einem Ribosom an.

An den tRNAs (grün) kann man sowohl das Anticodon als auch eine spezielle Verknüpfungsstelle für eine bestimmte Aminosäure (rot) erkennen.

Die verschiedenen Aminosäuren sind von unterschiedlicher geometrischer Gestalt. Sie werden durch Bindung an eine tRNA unter ATP-Verbrauch aktiviert (= Aminoacyl-tRNA).

Am Ribosom können sich jeweils zwei Aminoacyl-tRNAs komplementär zum Codon der mRNA anlagern (s. Abb. 2.19.2).

Eine Peptidbindung zwischen beiden Aminosäuren kann durch Zusammenstecken der Symbole angedeutet werden (s. Abb. 2.19.3).

● Kritik:

► Transkription:

- Die DNA wird nur als Einzelstrang angedeutet. Die notwendige öffnung der Doppelhelix fehlt in der Darstellung.
- Bei der DNA sind nur die vier Basen symbolisch hervorgehoben. Sie können allerdings nicht namentlich differenziert werden. Eine Trennung von Purin- und Pyrimidinnukleotiden ist nicht möglich.
- Die anderen DNA-Bausteine bleiben unberücksichtigt. Entsprechendes gilt für die Ribonukleotide und die Anticodons der tRNAs.
- Das Zusammenstecken der Ribonukleotide läßt die Vermutung aufkommen, daß die chemische Struktur dieser Nukleotide auch solche "Aussparungen" und "Stecker" aufweist wie im Modell dargestellt.
- Es wird nicht zwischen verschiedenen Bindungsarten differenziert.
- Die kleinste Einheit ist das Nukleotid.
- Die Abspaltung zweier Phosphatreste/Nukleotid bei der Synthese der mRNA fehlt in der Darstellung.
- Initiation und Termination können nicht erklärt werden.

► Translation:

- Die Kleeblattstruktur der tRNAs bleibt unberücksichtigt.
- Die Aktivierung des Aminosäuren wird ohne Energie-Verbrauch vollzogen.
- Die Aminosäuren werden durch ähnliche "Aussparungen" und "Stecker" zusammengefügt wie die Ribonukleotide, obwohl eine ganz andere Bindung vorliegt.
- Start- und Stopptripletts auf der mRNA bleiben in der Darstellung unberücksichtigt.

- Es können sich nur dann zwei Aminoacyl-tRNAs am Ribosom anlagern, wenn zugleich die Aminosäuren verknüpft werden. Eine zeitliche Differenzierung ist aus mechanischen Gründen nicht möglich.
- Eine Benennung der Aminosäuren ist nicht möglich.

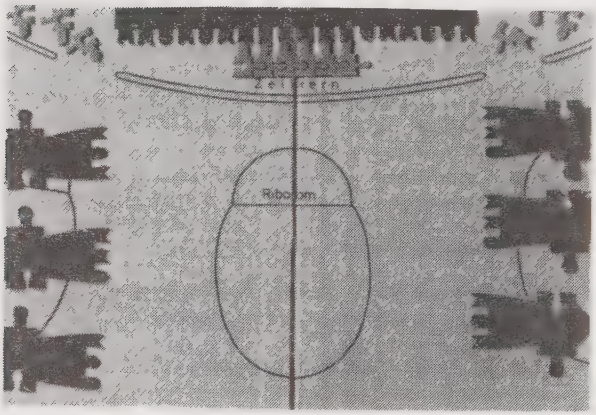


Abb. 2.19.1
Eiweiß-Synthese-Modell: Transkription
Eine mRNA entsteht komplementär zu einem DNA-Einzelstrang.
blau: DNA; gelb: mRNA; rot: Aminosäure; grün: tRNA
SCHLÜTER; Modell-Nr. 108; Preis: 27.35 DM

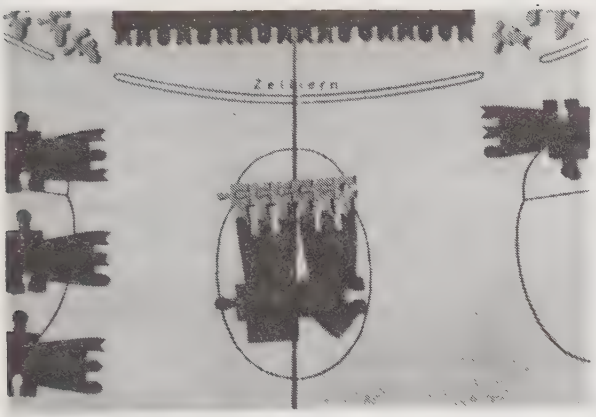


Abb. 2.19.2
Eiweiß-Synthese-Modell: Translation I
Zwei Aminoacyl-tRNAs haben sich an komplementär zur mRNA am Ribosom angelagert. Die Peptidbindung ist geknüpft.
blau: DNA; gelb: mRNA; rot: Aminosäure; grün: tRNA
SCHLÜTER; Modell-Nr. 108; Preis: 27.35 DM

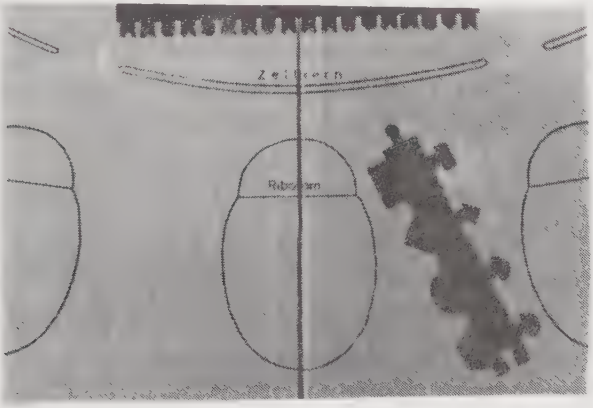


Abb. 2.19.3
Eiweiß-Synthese-Modell: Translation II
Eine kurze Aminosäurekette wurde synthetisiert.
blau: DNA; rot: Aminosäure
SCHLÜTER; Modell-Nr. 108; Preis: 27.35 DM

2.4.1.9. ZUSAMMENFASSUNG

Da die Modelle teils gravierende Mängel aufweisen, eignen sich nur wenige für die Verwendung im Unterricht.
Von den Modellen, die die räumliche DNA-Struktur darstellen, besitzt das PHYWE-Modell die geringsten Fehler.
Die Lernsets 1 und 2 der MAM-Box II des KLETT-Verlages bieten die besten Modelle, wenn es um die Darstellung der DNA-Replikation und/oder der Proteinbiosynthese geht.
Da für die Anschaffung an Schulen der Preis eine große Rolle spielt, sind die Modellpreise in Abb. 2.20 noch einmal übersichtlich aufgelistet. Abbildung 2.21 stellt die Preisübersicht grafisch dar.
Die Preise schwanken zwischen 11.75 DM (STECKPERLEN-Modell) und 970.- DM (MBM-Gesamtbaukasten).
Es ist keineswegs so, daß die Modelle in höheren Preisklassen auch inhaltlich anspruchsvoller werden.
Das teuerste Modell (MBM-Gesamtbaukasten) weist genauso schwerwiegende Mängel auf, wie das sehr preiswerte Eiweiß-Synthese-Modell von SCHLÜTER.
Die DNA-Modelle können inhaltlich nicht überzeugen. Die Möglichkeiten für einen Unterrichtseinsatz sind minimal. Das PHYWE und das SCHLÜTER Modell sind nur bedingt brauchbar. Die Anschaffungspreise liegen generell zu hoch.
STECKPERLEN- und BIOKIT-Modell sind zwar preisgünstig, aber aufgrund der aufgezeigten Mängel nicht empfehlenswert.
Die Lernsets 1 und 2 des KLETT-Verlags schneiden beim Preisvergleich relativ gut ab. Der Preis (komplett: 244.-DM) liegt in der unteren Hälfte des Gesamtspektrums. Damit wäre dieses das einzige Modell, dessen Anschaffung an Schulen zu empfehlen ist.

Modell	Hersteller	Bereich	Preis
1. Steckperlen-Modell	Schlüter Nr. 108	Aufbau und Struktur der DNA	11.75 DM
2. DNA-Modell	Schlüter Nr. 101	Aufbau und Struktur der DNA	336.30 DM
3. DNA-Modell	PHYWE Nr. 65560.00	Aufbau und Struktur der DNA	498.- DM
4. DNA-Synthese-Modell	PHYWE Nr. 65562.00	Replikation, Transkription, Translation	515.30 DM
5. DNS-Synthese-Baukasten I	MBM Lehrmittel u. Verlags-GmbH Nr. 601251.00	Replikation Transkription	670.- DM
5. Eiweißsynthese-Baukasten II Ergänzung	MBM Lehrmittel u. Verlags-GmbH Nr. 601251.00	Translation	300.- DM
6. Nukleinsäuren	Klett-Verlag Nr. 99838	Replikation, Transkription	122.- DM
6. Proteinbiosynthese	Klett-Verlag Nr. 99839	Translation	122.- DM
7. Biokit	Schweitzer-Verlag ISBN 3-88709-137-X	Translation	26.80 DM
8. Eiweiß-Synthese-Modell	Schlüter Nr. 108	Transkription Translation	27.35 DM

Abb. 2.20
Übersicht über molekulargenetische Modelle

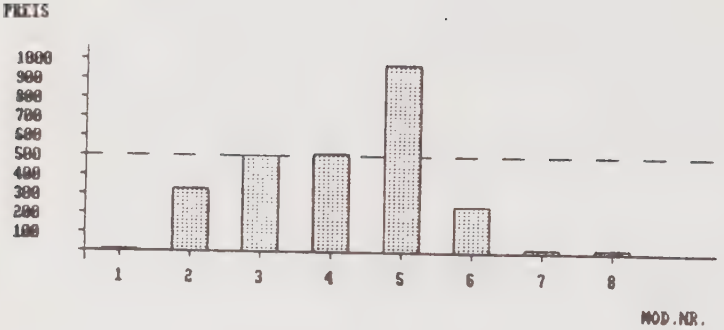


Abb. 2.21
Darstellung der Modellpreise für:
1: Steckperlen-Modell; Schlüter
2: DNA-Modell; Schlüter
3: DNA-Modell; PHYWE
4: DNA-Synthese-Modell; PHYWE
5: DNS-Eiweiß-Synthese-Baukasten; MBM
6: Nukleinsäuren-Proteinbiosynthese; Klett-Verlag
7: Biokit; Schweitzer-Verlag
8: Einweiß-Synthese-Modell; Schlüter

Alle Modelle weisen folgende Mängel auf:

▶ DNA-Aufbau:

- Als Bausteine dienen Nukleosid-Triphosphate und keine Monophosphate.
- Zwischen kovalenten und Wasserstoffbrücken-Bindungen wird nicht differenziert. Vielfach erscheint es so, als ob ein Nukleotid der kleinste molekulare Baustein sei. Die Verbindung zwischen den Nukleotiden wird meist nur durch "Zusammenschieben" angedeutet. Damit besteht die modellinterne Analogie bezüglich kovalenter Bindungen nicht mehr.

▶ Transkription:

- Die Initiation und die Termination der Transkription bleibt unberücksichtigt.
- Als Bausteine dienen Nukleosid-Triphosphate. Da der Vorgang analog zur Replikation abläuft, ist es fraglich, ob überhaupt ein Modell zur Elongation nötig ist. Eine Benennung der neu benötigten Bausteine reicht aus.

▶ Translation:

- Die Bedeutung einer f·Met-tRNA für die Initiation wird in keinem Modell angedeutet.
- Die Bedeutung von Start- und Stopptripletts auf der mRNA wird nicht erwähnt. Dieser Fehler läßt sich allerdings nur vermeiden, wenn in den Modell-Baukästen alle 64 möglichen tRNAs enthalten sind.

Für die Konzeption neuer Modelle sind andere Maßstäbe zu fordern. Außerdem müssen die einzelnen Kritikpunkte berücksichtigt werden.

2.4.2. VORHANDENE FILME

Die nachfolgend beschriebenen Super-8-Filme des Instituts für Film und Bild in Wissenschaft und Unterricht (FWU) München, sind identisch mit Ausschnitten aus zwei 16-mm-Filmen:

1. Die Chemie der Zelle I: Struktur der Proteine und Nukleinsäuren; Nr. 32 09 25; 1965; 21 Minuten
2. Die Chemie der Zelle II: Die Funktion der DNS und RNS bei der Proteinbiosynthese; Nr. 32 09 26; 1965; 16 Minuten

Diese 16-mm- Filme bieten zu den Themenbereichen DNA-Aufbau, Replikation, Transkription und Translation keine zusätzlichen Informationen.

2.4.2.1. AUFBAU DER DNA

Institut für Film und Bild in Wissenschaft und Unterricht
Nr. 36 00 5; München; 1969
Super-8-mm-Farbfilm; 3 Minuten

- Darstellung:

Die Zucker-, Phosphor- und Basenmoleküle werden einzeln als Kalottenmodelle vorgestellt. Jede Kalotte symbolisiert ein Atom.

Die Modelle, die nacheinander auf der linken Bildseite dargestellt werden, werden jeweils in einfache geometrische Symbole überführt:

- Zucker : gelbes Fünfeck
- Phosphor: weißer Kreis
- Basen : Sechs- bzw. Neunecke (A: hellblau; G: rot; C: rosa; T: grünblau)

Die Symbole werden nacheinander auf zwei waagerechte weiße Linien auf der rechten Bildseite verschoben. Die Linien verbinden Zucker- und Phosphormoleküle.
Mit jeweils kurzen grünen Strichen werden die Basen- an die Zuckermoleküle gebunden.
Die Wasserstoffbrucken-Bindungen zwischen komplementären Basen werden durch gestrichelte grüne Linien angedeutet.
Ein 2 Nukleotide umfassender DNA-Abschnitt wird gebildet.
Zum Schluß wird auf der linken Bildseite ein Ausschnitt aus einem räumlichen Doppelhelix-Kalottenmodell dargestellt.

● Kritik:

- Das Bild ist durch eine senkrechte Linie in zwei Hälften geteilt. Der DNA-Doppelstrang (zwei weiße waagerechte Linien) ist unmittelbar daran anschließend dargestellt. Es entsteht der Eindruck, daß der Teilungsstrich zur DNA gehört.
- Die Wasserstoffbrücken-Bindungen und die kovalente Bindung zwischen Zucker und Base sind durch grüne Linien (einmal gestrichelt, einmal durchgezogen) angedeutet, obwohl sie vollständig unterschiedlich sind.
  Die kovalente Bindung zwischen Zucker und Phosphor ist dagegen durch eine weiße Linie symbolisiert.
- Zwei waagerechte weiße Linien lassen die Vermutung aufkommen, daß ein DNA-Grundgerüst existiert, das nicht aus Zucker-, Phosphor- oder Basenmolekülen besteht.
- Es wird nicht angedeutet, daß Nukleotide als Bausteine verwendet werden.

2.4.2.2. REPLIKATION DER DNS

Institut für Film und Bild in Wissenschaft und Unterricht
Nr. 36 00 52; München; 1969
Super-8-mm-Farbfilm; 1.5 Minuten

● Darstellung:

Der DNA-Doppelstrang wird mit folgenden Symbolen dargestellt:
- Phosphor => Kreis
- Zucker => Fünfeck
- Purine => Neuneck
- Pyrimidine => Sechseck

Die Wasserstoffbrücken-Bindungen sind durch gestrichelte Linien angedeutet.
Ein Enzym (: großes Dreieck) trennt die Wasserstoffbrücken-Bindungen, teilt so den Doppelstrang und ergänzt die Einzelstränge komplementär.

● Kritik:

- Es erscheint so, als ob die Basen jeweils über das Sauerstoff-Atom, das sich im Kohlenstoffring des Zuckers befindet, an den Zucker gebunden sind.
  Die Zuckermoleküle sind über das C2- bzw. das C3-Atom mit den Phosphatresten verbunden.
- Die Syntheserichtung ist bei beiden neuentstehenden Strängen gleich (3'-Richtung).
- Kontinuierliche und diskontinuierliche Replikation werden nicht unterschieden.
- Als Bausteine dienen Nukleosid-Monophosphate anstelle von Triphosphaten.
- Öffnung des Doppelstranges und Synthese der neuen Einzelstränge werden von ein und demselben Enzym bewirkt.

2.4.2.3. PROTEIN-BIOSYNTHESE

Institut für Film und Bild in Wissenschaft und Unterricht
Nr. 36 00 53; München; 1969
Super-8-mm Farbfilm; 4 Minuten

● Darstellung:

Die Zucker- und Phosphormoleküle der DNA werden durch zwei waagerechte Linien angedeutet.
Die Basen sind symbolisch dargestellt:
- Purine und Pyrimidine werden größenmäßig differenziert.
- Die einzelnen Basen sind farblich unterschiedlich dargestellt.

▶ Transkription:
Ein großes Dreieck bewegt sich über die DNA. Parallel dazu entsteht oberhalb des Doppelstranges ein einzelner (= mRNA). Pfeile und unterschiedliche Färbung weisen auf den Unterschied zwischen Thymin und Uracil hin.
In einer anderen Einstellung wird hervorgehoben, daß immer nur ein Teil der genetischen Informationen transkribiert wird.
Die mRNA wandert zu einem Ribosom.

▶ Translation:
Die Aminosäuren werden unter Enzymeinwirkung mit Hilfe von ATP aktiviert.
Das Ribosom ist kugelrund und sehr klein im Vergleich zur mRNA (es ist nur 3 Nukleotide breit !).
Die mRNA liegt oberhalb des Ribosoms. Die Aminoacyl-tRNAs lagern sich an. Eine Aminosäurekette entsteht.
Abschließend wird gezeigt, daß die mRNA mehrere Ribosomen (= Polysomen) durchwandert und daß dabei mehrere Proteine gebildet werden.

● Kritik:

▶DNA-Aufbau:

- Die Wasserstoffbrücken-Bindungen sind in der DNA nicht angedeutet.
- Die Form des Basensymbols erlaubt nur eine Unterscheidung zwischen Purinen und Pyrimidinen. Eine Spezifizierung ist nicht möglich.

▶ Transkription:

- Es fehlt ein Hinweis auf die Verwendung von Nukleosid-Triphosphaten.
- Die Funktion des Transkriptionsenzyms bleibt unklar. Die Entstehung der mRNA ist rätselhaft.

▶ Translation:

- Die Aktivierung der Aminosäuren wird unvollständig beschrieben. Es sieht so aus, als ob erst mit der Lösung des Enzyms von der fertigen Aminoacyl-tRNA Phosphatreste abgespalten werden.
- Bei der Translation fehlt die Darstellung von Enzymen.
- Die Ribosomen sind zu klein. Es paßt nur ein mRNA-Triplett darauf.
- Die beiden Ribosomenuntereinheiten können nicht unterschieden werden.
- Die Aminoacyl-tRNAs lagern sich "zielstrebig" an den komplementären Codons der mRNA an. Das Zufällige dieses Vorgangs bleibt unberücksichtigt.
- Die mRNA wird vom Anfang bis zum Ende ´übersetzt´. Start- und Stoppcodons bleiben unbeachtet, wie auch mRNA-Sequenzen, die sich vor einem Start- und hinter einem Stoppcodon befinden.
- Bei der Bildung von Peptidbindungen verschwinden jeweils Verbindungsstücke zwischen einer ´entladenen´ tRNA und der entsprechenden Aminosäure. Der Vorgang ist rätselhaft.
- Die Funktion verschiedener beteiligter Enzyme wird nicht erwähnt.

2.4.2.4. AUFBAU UND VERDOPPLUNG DER DNS

Klett-Verlag
Nr. 88 93 4; Stuttgart; 1973
Super-8-mm-Farbtonfilm; 3.5 Minuten;
geeignet für Sekundarstufe I,II (nach Begleitblatt)

● Darstellung:

Die DNA-Doppelhelix ist als räumliches Kalottenmodell dargestellt, das dann entwunden wird.
Auf die komplemetären Basenpaarungen wird deutlich hingewiesen. Die Wasserstoffbrücken-Bindungen sind durch gestrichelte Linien angedeutet.
Das Kalottenmodell wird durch die Bezeichnung der Basen (A, T, G, C) ersetzt, Zucker- und Phosphormoleküle bleiben unberücksichtigt.
Ein "Männchen" (= Enzym) "trennt den Doppelstrang und fügt jedem Einzelstrang einen neuen hinzu" (Filmkommentar).
Die Bausteine dafür werden "steinförmigen Gebilden" (s. Abb. 2.22) entnommen, die anscheinend mit noch mehr Material beladen sind.

● Kritik:

- Die DNA-Darstellung, in der die Einzelstränge nur durch die Basensequenz angedeutet werden, ist zu stark vereinfacht. Die eigentlichen ´Strangmoleküle´ Zucker und Phosphor fehlen.
- In der Doppelhelix, die als Grundlage für die Veranschaulichung des Verdopplungsprozesses verwendet wird, sind die Wasserstoffbrücken-Bindungen nicht angedeutet.

- Ein "Männchen" symbolisiert ein Enzym. Diese Vermenschlichung der Enzymwirkung ist sachlich unhaltbar.
- Bei Schülern kann somit der Eindruck entstehen, daß der gesamte Verdopplungsprozeß vom Enzym "willentlich" gesteuert wird: Bei der Synthese der neuen Stränge sucht das "Männchen" gezielt das benötigte Material (kein Zufallsprinzip !).
- Es sieht so aus, als ob bei jedem Syntheseschritt ein mehrere Nukleotide umfassender Block hinzugefügt wird.
- Die Darstellung von "steinförmigen Gebilden" als Baustein-Reservoir ist sachlich falsch.
- Es wird nicht zwischen kontinuierlicher und diskontinuierlicher Replikation unterschieden.
- Es wird nicht berücksichtigt, daß für die Entwindung der Doppelhelix, für die öffnung des Doppelstranges und für die verschiedenen Synthesevorgänge mehrere Enzyme notwendig sind.

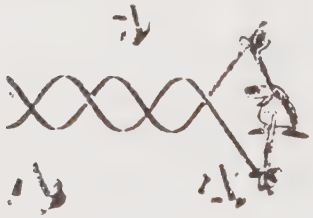


Abb. 2.22
Ein Enzym trennt den DNA-Doppelstrang auf.
"Steinförmige Gebilde" dienen als Baustein-Reservoir.
(aus: Begleitblatt zum Film)

2.4.2.5. BILDUNG EINES EIWEISS-MOLEKÜLS

Klett Verlag
Nr. 99 93 5; Stuttgart; 1973
Super-8mm-Farbtonfilm ; 4.5 Minuten
Geeignet für Sekundarstufe I, II (nach Beiblatt)

● Darstellung:

Ein räumliches Proteinmodell wird dargestellt.
Die Information dazu befindet sich auf der DNA, deren Basensequenz den Proteinaufbau determiniert. Der DNA-Doppelstrang wird allein durch die Basensequenz symbolisiert.

▶ Transkription:
Ein "Männchen" (= Enzym) liest den codogenen Strang ab und bildet einen "Botenstoff".
Die unterschiedliche Buchstabenfarbe der mRNA im Vergleich zur DNA soll auf die Verwendung von Ribose statt Desoxyribose deuten.
Uracil hat eine andere Farbe als Thymin.
Der Botenstoff wandert zum Ribosom.

▶ Translation:
Das Ribosom besteht aus zwei Untereinheiten.
Ein "Männchen" bindet eine spezifische Aminosäure an eine bestimmte tRNA (im Film: "Überträger-Stoff" - s. Abb. 2.23). "Jeder Überträger-Stoff hat drei spezifische Basen." (Filmkommentar). Damit lagern sie sich an komplemetäre Tripletts der mRNA an.
Ein anderes Enzym ("Männchen") verbindet jeweils zwei Aminosäuren und entfernt die ´entladene´ tRNA.
In einer letzten Darstellung wird gezeigt, daß die mRNA mehrere Ribosomen (= Polysomen) durchwandert.

● Kritik:

▶ Transkription:

- Die notwendige öffnung des Doppelstranges wird nicht erwähnt.
- Es fehlt ein Hinweis auf die Verwendung von Nukleotiden als RNA-Bausteine (Nukleosid-Triphosphate).
- Ein "Männchen" bildet den Botenstoff. Die Vermenschlichung der Enzymwirkung ist sachlich unhaltbar.
- Das Enzym sucht sich gezielt die benötigten Bausteine (kein Zufallsprinzip !).

▶ Translation:

- Bei der Aktivierung der Aminosäuren bleibt die Energetik unberücksichtigt. Auch hier sucht ein "Männchen" die passende Aminosäure für jede tRNA.
- In der Darstellung stellt ein und dasselbe Enzym die Peptidbindung zwischen zwei Aminosäuren her und entfernt dann die ´entladene´ tRNA.
  Das "Männchen" bewegt einen "Stock", der die Verbindung zwischen jeweils zwei Aminosäuren herstellt. Das sieht so aus, als ob zur Bildung einer Peptidbindung noch andere Moleküle als die der beteiligten Aminosäuren notwendig sind.
- Es fehlt ein Hinweis darauf, daß die Aminoacyl-tRNAs sich zufällig am Ribosom anlagern.
- Start- und Stopptripletts bleiben unberücksichtigt.
- Die Ribosomen liegen immer als Einheiten vor.

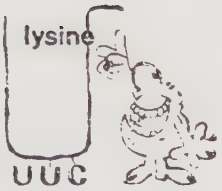


Abb. 2.23
Ein "Männchen" (= Enzym) bindet eine Aminosäure an den Überträger-Stoff
(aus: Begleitblatt zum Film)

2.4.2.6. VOM GEN ZUM EIWEISS

Institut für Weltkunde in Bildung und Forschung
Nr. 9040; Hamburg; 1985
16-mm-Farbtonfilm; ca. 18 Minuten

● Darstellung:

Der Film ist in vier Abschnitte gegliedert:
-" Bau der Gene, der Erbsubstanz
- Der Weg der Erbinformation in der Zelle
- Die Reihenfolge der DNS-Bausteine bestimmt die Erbmerkmale
- Das Zusammensetzen der Eiweiße aus Aminosäuren" (aus: Begleitheft zum Film)

Als Einstieg wird die Vielfalt der Lebewesen angedeutet und mit der Frage nach der Ursache für diese Manigfaltigkeit verbunden.

▶ 1. Der Bau der Gene:
Die DNA befindet sich im Zellkern, in den Chromosomen. "Sie ähnelt einer Wendeltreppe" (Filmkommentar).
Die Basen sind farblich und größenmäßig differentiert.
Die "Holme" bestehen aus Phosphorsäureresten und Zuckermolekülen.
Die chemische Struktur dieser Bausteine wird dargestellt.
"Die DNS enthält die Anweisungen für die erblichen Merkmale eines Organismus" (aus: Begleitheft).

▶ 2. Der Weg der Erbinformation:
"Ein Enzym tastet ein Gen ab" (Filmkommentar) und synthetisiert eine "Boten-RNS". Diese verläßt den Kern durch eine Pore. An den Ribosomen wird die Information der mRNA in ein Eiweißmolekül übersetzt.
Der Weg vom Zellkern zu den Ribosomen wird modellhaft dargestellt (Filmausschnitt Kaerne Film, Kopenhagen).

▶ 3. Die Reihenfolge der DNS-Bausteine:
Die DNA-Spirale wird entwunden dargestellt. Basen-, Zucker- und Phosphormoleküle werden farblich differenziert.
"Spitze und flache Verbindungsstellen zwischen den Holmen" (Filmkommentar) lassen komplementäre Basen erkennen.
Ein Transkriptionsenzym (kleines Dreieck) öffnet den Doppelstrang. An einem Einzelstrang lagern sich RNA-Bausteine an.

▶ 4. Das Zusammensetzen der Eiweiße:
Je eine Aminosäure ist an eine "Transport-RNS" gebunden. Sie lagert sich am Ribosom komplementär zu einem Triplett der mRNA an. Die Aminosäuresequenz bestimmt die Struktur der Proteine.

Jedem Abschnitt folgt eine kurze Zusammenfassung.
Die neuen Begriffe werden jeweils eingeblendet.

Zum Filmschluß wird ein Rückblick anhand eines schon gezeigten Filmausschnitts (Kaerne Film) mit gleichem Kommentar gezeigt.
Dann folgt noch eine Gesamtzusammenfassung. Dazu werden Merksätze eingeblendet.
Eine modellhafte Darstellung erwähnt noch einmal die wichtigsten Zusammenhänge.

● Kritik:

Im folgenden sollen nur die Punkte kritisiert werden, die inhaltlich auch in anderen Filmen und Modellen enthalten sind.

▶ DNA-Aufbau:
- DNA kommt nicht nur im Zellkern vor.
- Nukleotide werden namentlich nicht als Bausteine erwähnt.

- Die Grafik unterteilt nur "Sprossen- und Holmenteile". Eine Differenzierung zwischen Zucker- und Phosphormolekülen findet nicht statt.
- In einem Filmausschnitt (Kaerne Film) wird die DNA des Zellkerns nicht mehr als Doppelhelix dargestellt, sondern als entwundene "Strickleiter".
- In einer weiteren Trickdarstellung (im 3. Filmteil) sind Zucker- und Phosphormoleküle durch gleiche Symbole angedeutet, nur durch verschiedene Farben voneinander differenziert.
- In der gleichen Darstellung werden die unterschiedlichen Wasserstoffbrücken-Bindungen zum ersten Mal durch "spitze und flache Verbindungsstellen" angedeutet. Die geometrische Unterscheidung läßt keine Rückschlüsse auf den realen Unterschied zu.

▶ Transkription:

- Die DNA wird nicht geöffnet. Das Enzym gleitet über den geschlossenen Strang und synthetisiert die mRNA (Filmausschnitt: Kaerne Film).
  Die mRNA ist viel zu kurz dargestellt.
- In einer anderen Trickdarstellung wird das Transkriptionsenzym viel zu klein abgebildet (Größe einer Base !).
  - Der unterschiedliche Zucker der mRNA wird genausowenig erwähnt wie die Verwendung der Base Uracil statt Thymin.
  - Die DNA wird zum Zwecke der Transkription geöffnet, ein Einzelstrang wird abgelesen und der zweite verschwindet.
  - Die DNA ist zu kurz dargestellt.

▶ Translation:

- Die Ribosomen liegen schon vor Ankunft der mRNA als Einheit vor.
- Der Transport der mRNA zum Ribosom ist zu einfach dargestellt.

- Das Größenverhältnis von Ribosom und mRNA ist falsch gewählt.
- Nicht das Ribosom bewegt sich entlang der mRNA, sondern die mRNA wandert durch das Ribosom.
- Die Bedeutung von Start- und Stopptripletts wird nicht erwähnt.
- Die Translation beginnt schon am ersten Triplett.
- Das Starttriplett ist falsch.
- Codone der mRNA und Anticodone der tRNA sind nicht komplementär.
- Die beiden Bindungsstellen (P- und A-Stelle) am Ribosom sind nicht unterschieden.
- Die A-Stelle wird zu früh wieder frei.
- Die zufällige Anlagerung der Aminoacyl-tRNAs am Ribosom wird nicht erwähnt.
- Ein DNA-Bereich von ca. 80 Basenpaaren soll die Information für das Insulin tragen.
- Die Aminosäuresymbole sind ungeeignet, da sie keine Rückschlüsse auf deren Struktur zulassen.

▶ Didaktische Anmerkungen:

- Es werden zuviel verschiedene Modelldarstellungen mit unterschiedlichen sachlichen Mängeln benutzt:
  · Es werden andere Farben verwendet.
  · Die Symbolik ist unterschiedlich.
- Auf einen Rückblick, ein schon gezeigter Filmausschnitt wird verwendet, folgt eine Zusammenfassung in Form von Merksätzen. Dann wird noch einmal eine zusammenfassende Trickdarstellung gezeigt.
  Drei Zusammenfassungen am Schluß sind zuviel!
- Die Merksätze geben zu wenig Informationen. Sechs Sätze reichen nicht aus, um den Weg "vom Gen zum Eiweiß" adäquat zu beschreiben, zumal als Adressatengruppe Schüler ab dem 9. Schuljahr und u.a. Hochschulen genannt werden (Beiheft).

2.4.2.7. ZUSAMMENFASSUNG

Insgesamt wurden 6 Filme (s. Abb. 2.24) vorgestellt und kritisiert.
Drei davon sind 20 Jahre (FWU-Filme) , zwei 12 Jahre alt (KLETT-Filme) und einer ist neu erschienen (WBF-Film, 1985).
Jeder Film weist eine große Anzahl sachlicher Fehler auf.
Es ist bedauerlich, daß der neue Film (1985) zum großen Teil die gleichen Mängel enthält wie die fünf älteren und dazu didaktisch noch schlechter konzipiert ist.
Besonders den FWU-Filmen muß man zugute halten, daß viele der Kritikpunkte damals sachlich noch nicht bekannt waren.
Die Karikaturen, die in den KLETT-Filmen zur Darstellung von Enzymwirkungen dienen, vermitteln eine falsche Vorstellung von deren Wirkungsweise. Da sich derartige Veranschaulichungen sehr gut einprägen, sind diese Fehler später nur schwer zu korrigieren.

Alle Filme weisen folgende Mängel auf:

► DNA-Aufbau und Replikation:

- Die verschiedenen Bindungsarten werden nicht berücksichtigt.
- Es wird nicht erwähnt, daß als DNA-Bausteine Nukleotide dienen und daß diese als Nukleosid-Triphosphate vorliegen.
- Es wird nicht berucksichtigt, daß für die Entwindung der Doppelhelix, für die öffnung des Doppelstranges und für die verschiedenen Synthesevorgänge mehrere Enzyme notwendig sind.
- Die diskontinuierliche Replikation wird nicht erwähnt.

► Transkription:

- Die Initiation und die Termination bleiben unberücksichtigt.
- Die Bedeutung eines Transkriptionsenzyms bleibt unklar.

▶ Translation:

- Die Aktivierung der Aminosäuren wird entweder nicht dargestellt oder ohne Berücksichtigung der Energetik.
- Die Bedeutung einer f-Met-tRNA für die Initiation wird in keinem Film erwähnt.
- Die Funktion verschiedener beteiligter Enzyme wird nicht erwähnt.
- Es fehlt ein Hinweis darauf, daß die Aminoacyl-tRNAs sich zufällig am Ribosom anlagern.
- Start- und Stopptripletts bleiben unberücksichtigt.
- Die Ribosomen liegen immer als Einheit vor.

Filmtitel/Zeit	Hersteller	Bereich	Quelle
I. Super-8-Filme:			
1. Aufbau der DNS (3 Min.)	FWU Nr. 36 00 51	Aufbau und Struktur der DNA	Bild-stelle
2. Replikation der DNS (1.5 Min.)	FWU Nr. 36 00 52	Replikation der DNA	Bild-stelle
3. Protein-Biosynthese (4 Min.)	FWU Nr. 36 00 53	Transkription, Translation	Bild-stelle
4. Aufbau und Verdopplung der DNS (3.5 Min.)	Klett-Verlag Nr. 88 93 4	Aufbau, Struktur und Replikation der DNA	Kauf 140.-DM
5. Bildung eines Eiweiß-Moleküls (4.5 Min.)	Klett-Verlag Nr. 88 93 5	Transkription, Translation	Kauf 144.-DM
II. 16-mm-Film:			
6. Vom Gen zum Eiweiß (18 Min.)	IWBF Nr. 90 40	Aufbau, Struktur, Replikation der DNA, Transkription, Translation	Bild-stelle

Abb. 2.24
Übersicht über 6 Filme mit molekulargenetischen Inhalten

3. METHODISCHES VORGEHEN

3.1. KONZEPTION UND KONSTRUKTION NEUER MODELLE, FOLIEN UND COMPUTER-SIMULATIONEN

Eine kritische Analyse vorhandener Modelle und Filme hat sachliche und didaktische Mängel herausgestellt.
Diese Mängel machten eine Neukonzeption und -konstruktion von Modellen zu folgenden Themen nötig:

- DNA-Aufbau
- DNA-Replikation
- Transkription
- Translation

Da zur Genregulation noch kein Material vorlag, bot sich auch dieser Bereich für eine modellhafte Darstellung an.

Es erwies sich als sehr schwierig, die komplexen dynamischen Vorgänge der Replikation, der Translation und der Genregulation in adäquate Modelle umzusetzen. Trotzdem wurden Folien und Modelle auch zu diesen molekulargenetischen Themenbereichen konzipiert und konstruiert.
Der Computer schien ein geeigneteres Medium zu sein, diese komplexen Prozesse adäquat zu simulieren, da er aufgrund einer Vielzahl von grafischen und rechnerischen Möglichkeiten generell wesentlich mehr Fakten berücksichtigt kann als Modelle oder Folien.

Auf eine genaue Darstellung der Transkription konnte verzichtet werden, da die analogen Inhalte (z.B. Verwendung von Nukleosid-Triphosphaten, zufällige Anlagerung an den Syntheseort, Abspaltung von 2 Phosphatresten) bei der DNA-Replikation angedeutet werden.

Folgende Medien wurden zu den oben erwähnten Bereichen neu entwickelt und konstruiert:

- DNA-Aufbau (Kapitel 4.1.1. und 4.1.2.)	: Modelle	(S. 127-135)
- DNA-Replikation (Kapitel 4.1.3.)	: Folien	(S. 145-148)
	Computer-Simulation	(S. 138-144)
- Transkription (Kapitel 4.2.)	: Modelle	(S. 150-162)
- Translation (Kapitel 4.3.)	: Modell	(S. 175-179)
	Computer-Simulation	(S. 166-174)
- Proteinbiosynthese (Kapitel 4.4.)	: "Daumenkino"	(S. 180-184)
- Genregulation (Kapitel 4.5.)	: Modelle	(S. 200-203, 208-209, 216-218)
	Computer-Simulationen	(S. 189-199, 205-207, 212-215)

Somit ergaben sich folgende Themenschwerpunkte:

- DNA-Replikation
- Translation
- Genregulation,

bei denen der Lernzuwachs unter Einsatz verschiedener Medien mit Hilfe vergleichender Testverfahren ermittelt werden sollte.

3.2. ERPROBUNGSPHASE

3.2.1. AUSWAHL DER STICHPROBEN

In der gymnasialen Oberstufe sollte getestet werden, welches Medium einen höheren Lernzuwachs bedingt.

Als Stichproben dienten in der Oberstufe zwei Grundkurse und ein Leistungskurs mit insgesamt 50 Schülern.
In 3 Teilgebieten (s.o.) wurden verschiedene Medien eingesetzt:
In einem Grundkurs wurden Computer-Simulationen verwendet, in dem anderen Folien und Modelle.
Der Leistungskurs hatte Kontrollfunktion. Demnach wurden dort Modelle (bzw. Folien) und Simulationen zusammen eingesetzt.

Die Grundkurse sollten aus verschiedenen Schulen stammen, deren Einzugsgebiete total verschieden sind, um so einen möglichen Kontakt zwischen Schülern beider Kurse auszuschließen.
Die Auswahl der Schulen im Rhein-Sieg-Kreis erfolgte neben dem Kriterium der unterschiedlichen Einzugsgebiete nach der Ausstattung der Biologieräume, so weit diese für den Medieneinsatz notwendig war.
Benötigte Ausstattung:
- eine Magnettafel
- ein Farbfernseher
- ein verdunkelbarer Raum.

Die ausgewählten Schulen in Neunkirchen-Seelscheid und in Sankt Augustin, erfüllten beide Bedingungen.

3.2.2. MOLEKULARGENETIK IN DER GYMNASIALEN OBERSTUFE

Die Genetik wird verbindlich der Jahrgangsstufe 12.2 zugeordnet, da sie "wesentliche Aspekte des Stoffwechsels und der Entwicklung voraussetzt..." (Richtlinien für die gymnasiale Oberstufe NRW 1981, S. 34) aber auch Voraussetzungen für die handlung des Themas Evolution liefert.
Inhaltlich wird in obligatorische und fakultative Bereiche unterteilt. Die jeweiligen obligatorischen Gegenstände sollten ca. 3 Stunden und die fakultativen in 1 - 3 Stunden unterrichtet werden.
Fur Leistungskurse sind zusätzlich noch weitere Themenbereiche angegeben. Sie sollten auch ca. 3 Stunden umfassen. Weiterhin ist zu berücksichtigen, daß nur für zwei Drittel der zur Verfügung stehenden Unterrichtszeit die Inhalte aus den obligatorischen oder fakultativen Bereichen entnommen sein müssen. In der restlichen Zeit können beliebige, themenrelevante Gegenstände behandelt werden.
Teilt man die Gegenstände in die drei Bereiche obligatorisch, fakultativ und leistungskursrelevant ein, so ergibt sich folgende Einteilung der für die vorliegende Arbeit wesentlichen Inhalte:

obligatorisch	fakultativ	leistungskursrelevant
DNA als gen. Material:		
- Nachweis	weitere Nachweise: Exp. von AVERY GRIFFITH	
- Struktur		röntgenologische Untersuchungen;
- Replikation	Exp. von MESELSON/STAHL	Replikationsmodelle; DNA-Hybridisierung
Gen. Information und Proteinbiosynthese:		
- ein Gen-ein-Polypeptid-Hypothese		
- Transkription, Translation	Komponenten der Proteinbiosynthese und ihr exp.Nachweis	
- Genetischer Code	Exp. zur Codeentschlüsselung; Degeneriertheit und Universalität	Vertiefende Betrachtung; in vivo-Befunde, die den gen. Code stützen
Regulation der Genaktivität bei Bakterien:		
- Induktion		Exp. zur Genregulation bei Bakterien; Kybernetische Betrachtung
- Repression		
	Genregulation bei höheren Tieren ...	

Abb. 3.1
Synopse von obligatorischen, fakultativen und leistungskursrelevanten Gegenständen aus dem Bereich der Genetik, soweit für diese Arbeit von Bedeutung
Als Grundlage dienen die vorläufigen Richtlinien für die gymnasiale Oberstufe in NRW, 1981

Die grobe Zeiteinteilung sieht gemäß den Richtlinien so aus:

Bereich	Grundkurs	Leistungskurs
DNA als gen. Material:	4 - 5 Std.	7 - 8 Std.
Transkription, Translation und gen. Code:	4 - 6 Std.	7 - 9 Std.
Genregulation:	4 - 5 Std.	7 - 8 Std.
(Summe:	12 - 16 Std.	21 - 25 Std.)

Abb. 3.2
Zeiteinteilung der in Abb. 3.1 erläuterten Inhalte, gemäß den vorläufigen Richtlinien für die gymnasiale Oberstufe in NRW, 1981

Das entspricht einer Unterrichtszeit von 4 - 6 Wochen. Aufgrund des kurzen Schulhalbjahres mußten viele leistungskursrelevante Gegenstände unbehandelt bleiben. Zudem müßten die Unterrichtsinhalte aus Gründen der Vergleichbarkeit weitgehend identisch sein.
Die Stundenverteilung für die Unterrichtserprobungen sah wie folgt aus:

Bereich	Grundkurs	Leistungskurs
DNA als gen. Material:	6 Std.	7 Std.
Transkription, Translation und gen. Code:	4 Std.	5 Std.
Genregulation:	4 Std.	5 Std.
(Summe:	14 Std.	17 Std.)

Abb. 3.3
Zeiteinteilung der unterrichteten Stunden

Da jeder Kurs über ein unterschiedliches Arbeitstempo verfügt, konnte zu Beginn der Unterrichtsreihe der Zeitplan nicht genau eingehalten werden. Das erklärt, warum für die Bearbeitung des 1. Bereichs so viel Zeit benötigt wurde. Aufgrund des kurzen Schulhalbjahres und vieler Stundenausfälle war es im Leistungskurs nicht möglich, die in den Richtlinien angegebene Zeiteinteilung (s. Abb. 3.2) einzuhalten.

Die Inhalte wurden wie folgt auf die Stunden verteilt (s. Abb. 3.4 - 3.6):

Bereich	Stunde	Inhalt
DNA als	1.	Vortest
gen. Material		Die DNA enthält die Erbinformation. Experimente: GRIFFITH, AVERY, HERSHEY-CHASE.
	2.	Aufbau der DNA.
	3.	Chemischer Aufbau der DNA-Bausteine. Räumliche Struktur der DNA. Der Gen-begriff
	4.	Replikationsmechanismen: konservativ, semikonservativ, dispers. Experiment: MESELSON-STAHL => semikons.
	5.	Struktur der RNA. diskontinuierlicher Replikationsablauf.
	6.	kontinuierlicher Replikationsablauf. Abhängigkeit der DNA-Syntheserate von der Anzahl der Replikationsstartpunkte.
	(7.	Replikation bei Pro- und Eukaryoten.)

Abb. 3.4
Stundeninhalte im Bereich: DNA als genetisches Material
Im Leistungskurs wurde eine 7. Stunde gehalten (in Klammern).

Bereich	Stunde	Inhalt
Trans-kription	1.	Test zur Replikation. Initiation der Transkription: Promotor-Struktur.
	2.	Elongation und Termination der Transkription.
Trans-lation	3.	Struktur von Proteinen. Genetischer Code Struktur der tRNA. Bildung von Aminoacyl-tRNA.
	4.	Aufbau der Ribosomen. Ablauf der Translation.
	(4.	Aufbau der Ribosomen.)
	(5.	Ablauf der Translation.)

Abb. 3.5
Stundeninhalte im Bereich: Transkription und Translation
Im Leistungskurs verlief die 4. Stunde anders als in den Grundkursen; außerdem kam eine 5. Stunde hinzu (beide Stunden in Klammern).

Bereich	Stunde	Inhalt
Genregu-lation	1.	Test zur Translation. Darstellung des Lac-Operons.
	2.	Regulation des Lac-Operons.
	3.	Regulation des Trp-Operons.
	4.	Regulation des Ara-Operons.
	(1.	Test zur Translation.)
	(	Lactose-Verwertung bei E. coli.)
	(2.	Bindungstest des Induktors.)
	(	Vorstellung des Lac-Operons.)
	(3.	Regulation des Lac-Operons.)
	(4.	Regulation des Trp-Operons.)
	(5.	Regulation des Ara-Operons.)

Abb. 3.6
Stundeninhalte im Bereich: Genregulation
Der Stundenverlauf im Leistungskurs ist in Klammern angegeben.

3.3. ÜBERPRÜFUNG DES LERNERFOLGS

Ein Vortest sollte den Wissenstand der Schüler über die 3 Themenbereiche ermitteln, die anschließend als Grundlage für einen Vergleich bezüglich des Lernzuwachses zwischen den Kursen dienten.
Die 3 Themenbereiche, die jeweils mit einem Test abgeschlossen wurden, waren:

- DNA-Replikation
- Translation
- Genregulation

Bei der Behandlung weiterer molekulargenetischer Themen wurde in allen Kursen auf Tests verzichtet, da im Unterricht die gleichen Medien eingesetzt wurden.

Zwei Wochen nach Abschluß der Unterrichtsreihe und 3 Monate später wurde ein Gesamttest nach dem multiple-choice-Verfahren durchgeführt.

Die Testergebnisse wurden beschrieben und analysiert.
Die Schülerzahlen lagen pro Kurs bei 12 bis 20 Personen.
Aufgrund der kleinen Stichprobenumfänge, konnte nicht überprüft werden, ob die Stichproben normalverteilt waren.
Deshalb wurde ein "voraussetzungsfreies Verfahren" (BORTZ 1979. S. 172) verwendet: Die Testergebnisse wurden mit einem U-Test verglichen, der speziell für kleine, nichtparametrische Stichproben entwickelt wurde.

In Abb. 3.7 wird das methodische Vorgehen noch einmal schematisch dargestellt.

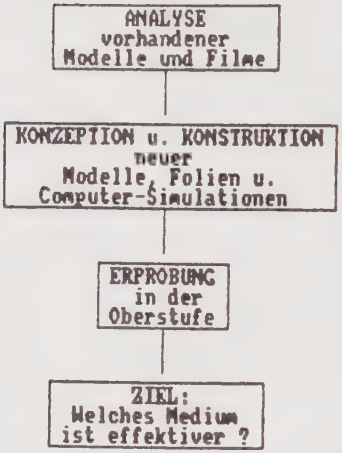


Abb. 3.7
Übersicht über das methodische Vorgehen

4. DARSTELLUNG NEUENTWICKELTER MOLEKULARGENETISCHER MODELLE, FOLIEN UND COMPUTER-SIMULATIONEN

In diesem Kapitel werden die Modelle beschrieben, die im Unterricht erprobt werden sollen (vgl. Kapitel 5.).
Alle Modelle, Folien und Computer-Simulationen orientieren sich an prokaryoten Systemen!
Prinzipiell gilt: Ist der gleiche Sachverhalt sowohl als Computer-Simulation als auch als Funktionsmodell (aus Holz oder anderen Materialien) darstellbar, so hat das Funktionsmodell Vorrang, da der organisatorische Aufwand beim Einsatz in der Regel wesentlich geringer ist. Aus diesem Grund wird der DNA-Aufbau, die Darstellung der energiereichen Bindung bei Triphosphaten und die Transkription nur durch Holzmodelle veranschaulicht.

Die DNA-Replikation wurde als Computer-Simulation und auf Klappfolien dargestellt. Ein Modell wird nicht konzipiert, da die Forderungen nach möglichst einfacher Strukturierung und Homomorphie bei diesem komplexen Ablauf nicht zu vereinigen sind.

Für die Translation und die Genregulation werden alternativ Holzmodelle und Computer-Simulationen entwickelt, da jeweils beide Konzeptionen didaktisch und sachlich zu vertreten sind.

Die Erprobung im Unterricht soll Aufschluß darüber geben, welches dieser Medien einen höheren Lernzuwachs bedingt.
Die inhaltlichen Schwerpunkte der Modelle, Folien und Simulationen werden jeweils gesondert in Form von kognitiven Lernzielen dargestellt, da sie grundlegende Bedeutung für die Konzeption der Tests haben, die jeweils die sachlichen Kenntnisse der Schüler überprüfen sollen.

4.1. AUFBAU UND REPLIKATION DER DNA

4.1.1. DNA-AUFBAU

● Sachanalyse:

Die Bausteine der DNA bezeichnet man als Nukleotide oder als Nukleosid-X-Phosphate (das X steht für die Zahl der Phosphorsäurereste: 1 = Mono, 2 = Di, 3 = Tri).
Diese bestehen aus drei Komponenten (vgl. Abb. 4.2):
- einer Pentose: 2-Desoxyribose
- einem Phosphorsäuremolekül
- einer Base

Bei den Basen werden Pyrimidin- und Purinderivate unterschieden:

- Pyrimidinderivate: Cytosin (3 Wasserstoffbrücken-Bindungen)
  Thymin (2 Wasserstoffbrücken-Bindungen)
- Purinderivate : Guanin (3 Wasserstoffbrücken-Bindungen)
  Adenin (2 Wasserstoffbrücken-Bindungen)

Die Nukleotidkomponenten sind untereinander durch kovalente Bindungen verknüpft. Als kovalente Bindungen gelten die Ester-Bindung zwischen Phosphorsäurerest und Zucker und die glykosidische Bindung zwischen Base und Zucker.
Zwei jeweils aus Nukleotiden bestehende DNA-Stränge bilden einen Doppelstrang (vgl. Abb. 4.3).
Die Basen gegenüberliegender Nukleotide sind komplementär: jeweils einem Pyrimidinderivat mit einer bestimmten Anzahl möglicher Wasserstoffbrücken-Bindungen liegt ein Purinderivat mit entsprechender Anzahl gegenüber (s.o.). Wasserstoffbrücken-Bindungen entstehen durch benachbarte Atome mit entgegengesetzter Partialladung.

Fur die DNA-Synthese werden aktivierte Bausteine (= Nukleosid-Triphosphate) benutzt. Sie werden unter Energieverbrauch (= Abspaltung zweier Phosphatreste - s. Kapitel 4.1.2.) in einen DNA-Strang eingebaut.

● Darstellung des Modells:

Das Modell muß folgende Sachverhalte berücksichtigen:
- die Basen, Zucker- und Phosphormoleküle müssen in verschiedenen geometrischen Formen und unterschiedlichen Farben dargestellt werden.
- die 4 möglichen Basen sollen untereinander sowohl farblich als auch geometrisch differieren.
  Eine farbliche Unterscheidung zwischen den einzelnen Purinen (Guanin und Adenin) bzw. Pyrimidinen (Cytosin und Thymin) ist sinnvoll.
  Die geometrische Differenzierung soll eine Unterteilung in Pyrimidine (1 Kohlenstoffring) und Purine (2 Kohlenstoffringe) erlauben.
  Die möglichen Wasserstoffbrücken-Bindungen pro Base sollen auch an der Form erkennbar sein.
- die verschiedenen chemischen Bindungen sollen angedeutet sein.

Diese Bedingungen wurden folgendermaßen realisiert:
(Die Realisation ist bei allen Computer-Simulationen analog!)
Farben: Die Zuckermoleküle sind schwarz und die Phosphatreste braun dargestellt.

Die Basenmodelle sind wie folgt gefärbt:

Adenin - grün

Guanin - rot

Thymin - blau

Cytosin - gelb

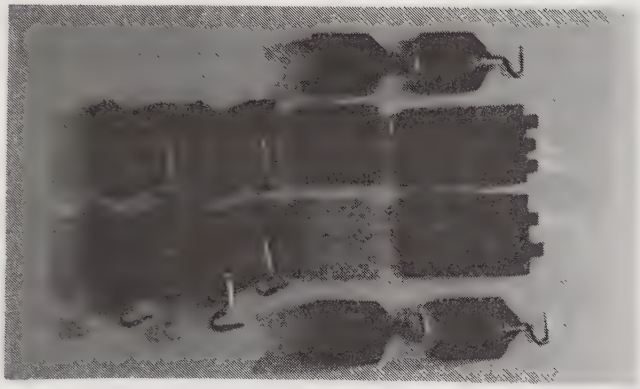
Größe : Purine sind größer als Pyrimidine.

Bindungen: Kovalente Bindungen - Haken deuten die energiereiche Bindung an.

Wasserstoffbrücken-Bindungen - die positiven Partialladungen sind in Form von Eisenplättchen und die negativen anhand von Magneten dargestellt. Wasserstoffbrücken-Bindungen sind also als magnetische Anziehungskräfte interpretiert.

elektrostatische Spannungen - sie werden in einem weiteren Modell verdeutllicht (s. Modell zur Darstellung der energiereichen Bindung bei Triphosphaten; Kapitel 4.1.2.).

a



b

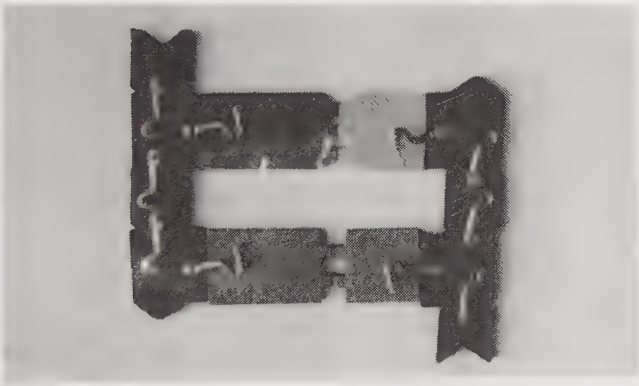


Abb. 4.1
Modell zum DNA-Aufbau
schwarz: Zuckermoleküle; braun: Phosphatreste; rot: Guanin; grün: Adenin; blau: Cytosin; gelb: Thymin
a) Hier ist ein Baukasten für eine 2 er Gruppe abgebildet.
b) So kann eine kurze Doppelstrangsequenz aussehen.

● Didaktisch-methodische Hinweise:

Die Schüler bekommen in 2 er Gruppen jeweils ein Modell, das aus 4 Nukleosid-Monophosphaten besteht (s. Abb. 4.1). Sie sollen daraus einen Abschnitt des DNA-Doppelstranges konstruieren.
Ein Arbeitsblatt stellt den Zusammenhang von chemischer Struktur und Modellsymbol der Nukleotide her (s. Abb. 4.2).
In einem kurzen Kommentar weist der Lehrer darauf hin, daß in vivo Nukleosid-Triphosphate als aktivierte Bausteine verwendet werden.
Eine Folie demonstriert die chemische Struktur eines DNA-Doppelstranges (s. Abb. 4.3).

● Lernziele:

Die Schüler sollen:
- erkennen, daß der eigentliche DNA-Strang aus Zucker- und Phosphatmolekülen, die abwechselnd aufeinander folgen, besteht.
- erkennen, daß an die Zuckermoleküle jeweils eine Base gebunden ist.
- 4 verschiedene Basen benennen und jeweils 2 davon den Purin- bzw, Pyrimidinderivaten zuordnen.
- einsehen, daß die chemischen Bindungsarten zwischen Zucker-Base und Zucker-Phosphor gleich sind (kovalente Bindungen).
- die Bindungen zwischen zwei komplementären Basen als Wasserstoffbrücken-Bindungen interpretieren, deren Bindungsprinzip auf der Anziehung negativer und positiver Partialladungen beruht.

- die Basen durch die Anzahl der Wasserstoffbrücken-Bindungen unterscheiden und komplementäre Basen benennen.

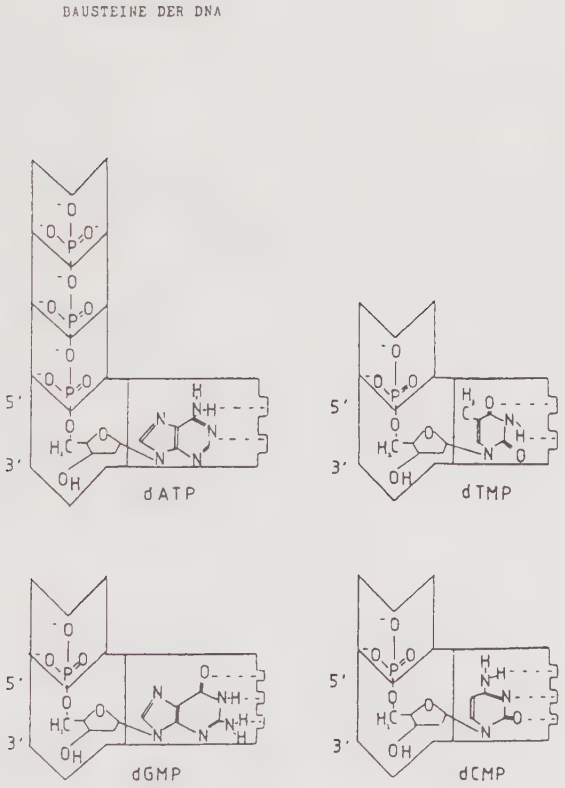


Abb. 4.2
Bausteine der DNA
Die Darstellung eines Triphosphats (ATP) soll darauf hinweisen, daß die Nukleotide in dieser Form für die DNA-Synthese zur Verfügung stehen.
Die gewählten Symbole entsprechen denen des Modells.

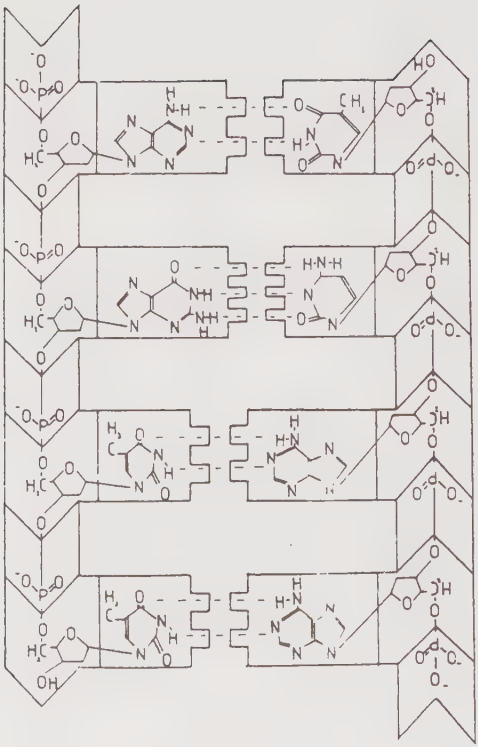


Abb. 4.3
DNA-Doppelstrang
Die gewählten Symbole entsprechen denen des Modells.

4.1.2. DARSTELLUNG DER ENERGIEREICHEN BINDUNG VON TRIPHOSPHATEN

● Sachanalyse:

Bei der hydrolytischen Spaltung eines Nukleosid-Triphosphates in ein Nukleosid-Di- oder Monophosphat und ein oder zwei Phosphatreste wird Energie frei. Umgekehrt wird bei der Synthese eines Nukleosid-Di- oder Triphosphates Energie verbraucht.
Man kann den Prozeß der enzymatischen Hydrolyse eines Nukleosid-Triphosphates wie folgt erklären: Jedes Phosphatmolekül enthält ein negativ geladenes Sauerstoffatom. Durch kovalente Bindungen sind die Phosphatreste untereinander verbunden. Diese Bindung ist starker als die elektrostatische Spannung zwischen den negativ geladenen Sauerstoffatomen. Wird sie jedoch hydrolytisch gespalten, so stoßen sich die gleichen Ladungen ab: Energie wird frei.

● Darstellung:

Anhand eines zweiten Modells, das die gleichen Symbole wie das erste benutzt, soll die energiereiche Bindung von Triphosphaten demonstriert werden.
Die kovalenten Bindungen sind im ersten Modell durch Haken dargestellt. Zwischen den Phosphatresten befinden sich zusätzlich Federn, die die elektrostatischen Spannungen andeuten sollen. Um eine kovalente Bindung zwischen 2 Phosphaten aufzubauen, muß die Feder zusammengedrückt werden: Energie wird benötigt.

Die Aktivierung von Nukleosid-Mono- oder Diphosphaten wird in lebenden Systemen von Enzymen übernommen.
Eine enzymatische Hydrolyse der kovalenten Bindung wird im Modell durch ein Lösen der Hakenverbindung bewirkt. Nun wird der endstädige Phosphatrest von einer Feder abgestoßen: kinetische Energie wird frei.
Damit ist anschaulich demonstriert, warum Nukleosid-Di- oder Triphosphate als Energieüberträger in Zellen fungieren.
Zugleich ist die Frage geklärt, woher die Energie zur Replikation (oder später: zur Transkription) der DNA kommt.

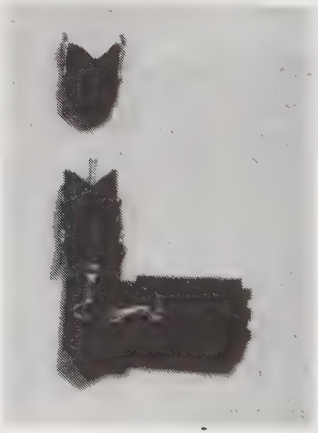


Abb. 4.4
Modell zur Darstellung der energiereichen Bindung im ATP-Molekül
Feder zwischen den Phosphatresten simulieren die elektrostatischen Spannungen zwischen diesen. Energie wird freigesetzt, wenn die kovalenten Bindungen hydrolysiert werden.

● Didaktisch-methodische Hinweise:

Der Lehrer benutzt zur Demonstration den Overhead-Projektor. Die Schüler können in Form eines Schattenbildes die Abspaltung von Phosphatresten mitverfolgen.

● Lernziele:

Die Schüler sollen:
- erkennen, daß bei der Abspaltung von Phosphatresten Energie frei wird.
- erkennen, daß Enzyme kovalente Bindungen hydrolysieren können.
- erklaren, warum Nukleosid-Triphosphate geeignete Energieüberträger sind.
- erkennen, daß Nukleosid-Triphosphate die Energie für die DNA-Replikation bereitstellen.

4.1.3. DNA-REPLIKATION

● Sachanalyse:

Bevor die Replikation beginnen kann, muß die Doppelhelix entwunden werden. Dafür ist bei E.coli die Helicase I zuständig. Pro getrenntem Nukleotidpaar wird die Energie verbraucht, die bei der Hydrolyse von 2 ATP zu 2 AMP frei wird.
Die getrennten Einzelstränge werden dann von "Einzelstrang-bindenden Proteinen" (KAUDEWITZ; S. 80) stabilisiert.
Die anschließende DNA-Replikation verläuft bei vielen untersuchten Organismen auf dem einen Strang diskontinuierlich und auf dem anderen kontinuierlich.
Dabei bewegt sich die Replikationsgabel 12 µ m/Minute, d.h. ca. 600 Nukleotide werden pro Sekunde synthetisiert [bei Eukaryoten sind es ca. 50 Nukleotide/Sekunde (vgl. KNIPPERS 1982, S. 86, 88)].

▶ kontinuierliche Replikation
Bei dieser Replikationsart wird die DNA-Synthese, wenn sie einmal begonnen hat, von der DNA-Polymerase kontinuierlich fortgeführt. Sie bewegt sich in 5´ - 3´ Richtung auf die Replikationsgabel zu.

▶ diskontinuierliche Replikation
Jede DNA-Polymerase benötigt einen Primer.
Bei E. coli bildet ein dnaB-Protein mit ATP und der Primase einen Komplex. Dieser ist ein Bestandteil eines aus mehreren Proteinen zusammengesetzten Primosoms.
Das Primosom katalysiert die Bildung des Primers. Dieser wird aus Ribonukleotiden gebildet und ist meist nur wenige Nukleotide lang.

Die DNA-Polymerase III synthetisiert an das 3´-Ende des Primers ca. 1000 Desoxyribonukleotide.
Der Primer wird mit Hilfe der 5´-Exonukleasefunktion der DNA-Polymerase I entfernt und mittels der Polymerasefunktion durch Desoxyribonukleotide ersetzt.
Die offene Phosphodiesterbindung zwischen diesem Strangstück und dem bereits zuvor synthetisierten wird durch eine Ligase geschlossen.

1. Computer-Simulation

● Darstellung:

► kontinuierliche Replikation

Die Simulation setzt voraus, daß beide Stränge schon enzymatisch getrennt sind. Demzufolge sind die Einzelstränge jeweils am linken und rechten Bildschirmrand angeordnet.
Jede neu beginnende Enzymtätigkeit muß durch Tastendruck initiiert werden. Die Enzyme, in der Simulation durch große Klammern angedeutet, sollen erst nachher benannt werden.
Diese Replikationsart wird auf dem linken Strang dargestellt.
Ein beliebiges Nukleosid-Triphosphat erscheint in der Mitte des unteren Bildschirmrandes und bewegt sich auf das unterste Nukleotid des linken Einzelstranges zu (s. Abb. 4.3.1).
Es lagert sich an die DNA-Polymerase an (s. Abb. 4.3.2).
Enzymatisch wird geprüft, ob das neu erschienene Nukleotid zu dem Nukleotid im Strang komplementär ist.
Die Enzymtätigkeit wird durch ein Aufleuchten des Bildschirmrandes angezeigt. Das Aufleuchten in unterschiedlichen Farben zeigt ein ´richtiges´ oder ´falsches´ Nukleotid an.
Ist es komplementär zu dem Nukleotid des DNA-Stranges, werden enzymatisch 2 Phosphatreste abgespalten, und die Anlagerung wird vollzogen (vgl. diskontinuierliche Replikation - Abb. 4.4.1). Andernfalls entfernt sich das Nukleotid wieder von der Enzym-Erkennungsstelle. Ein anderes erscheint.
So wird dieser Strang kontinuierlich repliziert.
Welches Nukleotid erscheint, wird nach dem Zufallsprinzip entschieden.

▶ diskontinuierliche Replikation

Die Replikation ist auf dem rechten Strang diskontinuierlich dargestellt.

Ein Primer wird aus Ribonukleosid-Triphosphaten gebildet. Der Unterschied ist durch einen waagerechten Streifen am Zuckermolekül symbolisiert (s. Abb. 4.4.1).

Nun kann die DNA-Polymerase III, daran ansetzend, die komplementäre Ergänzung mit Desoxyribonukleosid-Triphosphaten fortsetzen (o. Abbildung, da der Ablauf den Abbildungen 4.3.1 und 4.3.2 entspricht).

Dann ändert sich der Bildausschnitt. Der nächstfolgende Primer wird sichtbar. Zwischen ihm und den Desoxyribonukleotid-Monophosphaten besteht eine Phosphodiester-Lücke (s. Abb. 4.4.2). Hier setzt die DNA-Polymerase I an, schneidet den Primer heraus (s. Abb. 4.4.3) und sorgt für eine komplementäre Ergänzung durch Desoxyribonukleotide (s. Abb. 4.4.4).

Eine Phosphodiester-Lücke besteht zwischen den neusynthetisierten Desoxyribonukleotiden und denen, die von der DNA-Polymerase III synthetisiert worden waren (s. Abb. 4.4.5). Ein "flackernder Pfeil" zeigt diese Lücke an.

Eine Ligase stellt die Bindung zwischen Zucker und Phosphat her (s. Abb. 4.4.6).

Damit ist dieser Strangabschnitt diskontinuierlich repliziert.

Abb. 4.3.1
Computer - Simulation zur Kontinuierlichen DNA-Replikation I
Ein beliebiges Nukleosid-Triphosphat steht zum Einbau zur Verfügung.
Verfügung.

Abb. 4.3.2
Computer - Simulation zur Kontinuierlichen DNA-Replikation II
Das erste Nukleotid hat sich angelagert. Die DNA - Polymerase III prüft, ob das nächste Nukleotid komplementär zu dem des DNA-Stranges ist.

Abb.4.4.1
Computer - Simulation zur diskontinuierlichen DNA-Replikation I
Ein Primer wird aus Ribonukleosid-Triphosphaten gebildet. Der Unterschied zur Desoxyribose ist durch einen waagerechten Streifen am Zuckermolekül angedeutet.Bei der Anlagerung des ´richtigen´ Nukleotids werden 2 Phosphatreste abgespalten

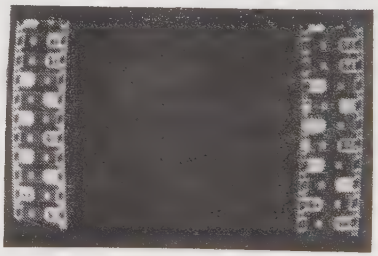


Abb. 4.4.2
Computer - Simulation zur diskontinuierlichen DNA-Replikation II
Zwischen dem letzten Desoxyribonukleotid und dem folgenden Primer besteht eine Phosphodiester-Lücke (rechte Bildseite, linker Strang : zwischen 3. und 4. Nukleotid von oben !).

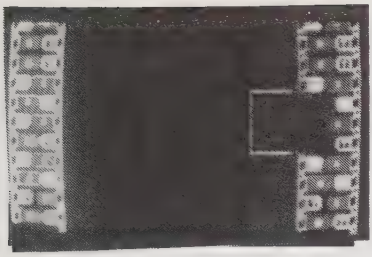


Abb. 4.4.3
Computer - Simulation zur diskontinuierlichen DNA-Replikation III
An dieser Lücke setzt die DNA - Polymerase I an und schneidet den Primer heraus.

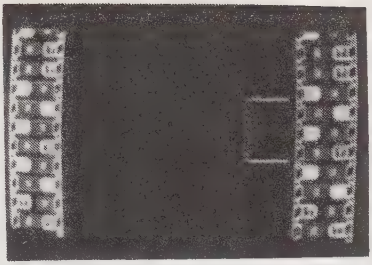


Abb. 4.4.4
Computer - Simulation zur diskontinuierlichen DNA-Replikation IV
Nun werden Desoxyribonukleotide komplementär ergänzt.

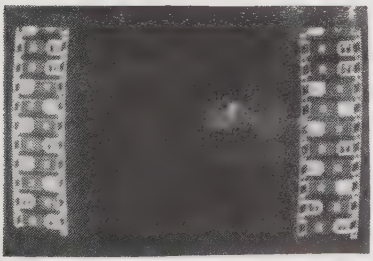


Abb. 4.4.5
Computer - Simulation zur diskontinuierlichen DNA-Replikation V
Zwischen den neu eingefügten Desoxyribonukleotiden und denen, die schon vorher synthetisiert worden waren, klafft eine Phosphodiester-Lücke (rechte Bildseite, linker Strang : zwischen 4. und 5. Nukleotid von unten!)

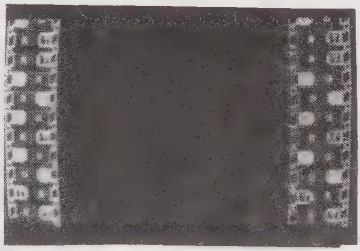


Abb. 4.4.6
Computer - Simulation zur diskontinuierlichen DNA-Replikation VI
Diese Lücke wird von einer Ligase geschlossen.

* Didaktisch-methodische Hinweise:

Nachdem die Schuler die DNA-Bausteine kennengelernt haben (s. Kapitel 4.1.1.), muß die DNA-Verdopplung besprochen werden. Die Aktivität der Schüler beschränkt sich auf die Eingabe von 17 Basen, die der Computer "automatisch" komplementär ergänzt.

Der Replikationsmechanismus ist sehr komplex, wenn man ihn nach dem heutigen Wissensstand darstellen will. Eine korrekte sachliche Darstellung, die die komplexen Zusammenhänge verdeutlichen will, macht Schüleraktivitäten unmöglich. Der Computer arbeitet in diesem Fall als steuerbarer Trickfilm.

Nach Eingabe der Basen kann gewählt werden:

- Soll die kontinuierliche oder
- die diskontinuierliche Replikation dargestellt werden, oder
- beide (hintereinander) ?

Im Unterricht soll zuerst die diskontinuierliche Replikation dargestellt werden.

Fünf Enzyme sind an der Tafel aufgeführt:

DNA-Polymerase I, II, III, Primase und Ligase.

Die Schüler sollen in 2 er Gruppen versuchen, vier Enzyme aus dieser Liste den verschiedenen Teilabläufen zuzuordnen.

Die Ergebnisse werden auf einem Arbeitsblatt schematisch festhalten (s. Abb. 4.5 - rechte Seite).

Der Lehrer weist darauf hin, daß die Replikation auch kontinuierlich ablaufen kann, vielfach auf einem Strang kontinuierlich und auf dem anderen diskontinuierlich.

Anhand der Simulation wird der kontinuierliche Replikationsablauf dargestellt.

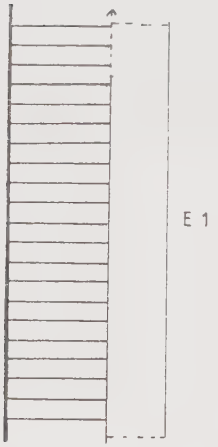
Anschließend bearbeiten die Schüler die linke Seite des Arbeitsblattes (s. Abb. 4.5).

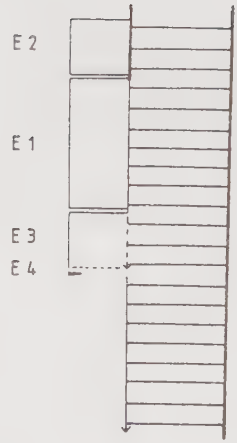
● Lernziele:

Die Schüler sollen:

- erkennen, daß die Replikation sowohl kontinuierlich als auch diskontinuierlich ablaufen kann.
- die verschiedenen Enzyme den entsprechenden Teilabläufen zuordnen.
- beide Replikationsarten beschreiben.
- erkennen, daß ein ´passendes´ Nukleotid rein zufällig an die ´richtige´ Synthesestelle gelangt.

DNA - REPLIKATION





E 1 = DNA-Polymerase III

E 2 = Primase

E 3 = DNA-Polymerase I

E 4 = Ligase

Ablauf :

An Primer werden weitere Desoxyribonukleotide
1. polymerisiert.

Replikationsart:

kontinuierlich

Ablauf :

Primase bildet Primer aus
1. Ribonukleotiden
DNA-Polymerase III knüpft
2. daran an.
DNA-Polymerase I ersetzt Primer
3. durch Desoxyribonukleotide
Ligase schließt offene
4. Phosphodiester-Bindung.

Replikationsart:

diskontinuierlich

Abb. 4.5
Arbeitsblatt zur DNA-Replikation - mit Lösungen

2. Klappfolien

● Darstellung:

▶ kontinuierliche Replikation

Da bei dieser Replikationsart nur die DNA-Polymerase III (= E 1) für die Synthese verantwortlich ist, wenn die Initiation einmal gelungen ist, genügt eine einzige Darstellung dazu (s. Abb. 4.6 ; linke Seite).

Die Wirkung der Polymerase III wird durch die gleiche Farbe wie im diskontinuierlichen Replikationsablauf verdeutlicht.

▶ diskontinuierliche Replikation

Um die Wirkung der verschiedenen Enzyme zu verdeutlichen, werden verschiedene Folien, die jeweils einzelne Vorgänge enthalten, übereinander geklappt.

Auf der ersten Folie werden zwei Primer von der Primase (= E 2) angelagert (s. Abb. 4.7.1 ; rechte Seite).

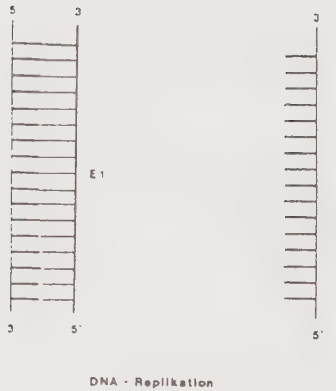
Die Lücken werden von der DNA-Polymerase III (= E 1) mit Desoxyribonukleotiden geschlossen (zweite Folie s. Abb. 4.7.2 rechte Seite).

Die Wirkung der DNA-Polymerase I (= E 3) wird durch Herausnehmen der ersten Folie und Auflegen einer dritten Deckfolie (s. Abb. 4.7.3 ; rechte Seite) demonstriert. Die Ribonukleotide sind jetzt durch Desoxyribonukleotide ersetzt worden.

Eine vierte Folie stellt die Phosphodiester-Bindung dar, die von einer Ligase (= E 4) katalysiert wird (s. Abb. 4.7.4 ; rechte Seite).

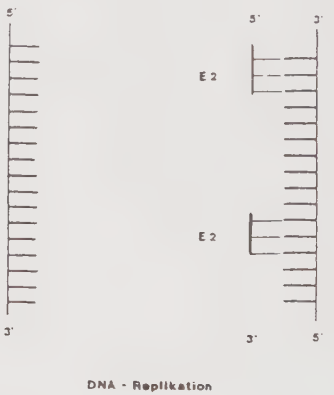
In dieser vereinfachten Darstellung konnten folgende Fakten nicht berücksichtigt werden:

- Als Bausteine dienen Nukleosid-Triphosphate.
- Die Abspaltung zweier Phosphatreste ist für die Synthese unabdingbar, da dadurch Energie bereitgestellt wird.
- Die Nukleotide gelangen nach dem "trial and error principle" zum jeweiligen Enzym. Dort wird getestet, ob es das ´richtige´ ist.



DNA - Replikation

Abb. 4.6
Kontinuierliche DNA-Replikation - Folie
Der linke Strang wird kontinuierlich repliziert.
Enzym E1: DNA-Polymerase III



DNA - Replikation

Abb. 4.7.1
Diskontinuierliche DNA - Replikation - 1. Folie
Am rechten Einzelstrang haben sich zwei Primer angelagert.
Enzym E2: Primase

Abb. 4.7.2
Diskontinuierliche DNA - Replikation - 2. Folie
Die DNA-Polymerase III synthetisiert Desoxynukleotide an die Primer.

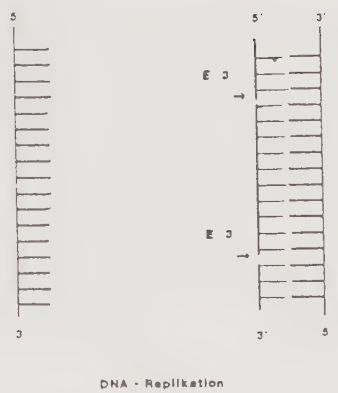


Abb. 4.7.3
Diskontinuierliche DNA - Replikation - 3. Folie
Eine DNA-Polymerase I (: E3) entfernt die Primer und fügt statt dessen Desoxyribonukleotide ein.

Abb. 4.7.4
Diskontinuierliche DNA - Replikation - 4. Folie
Eine Ligase (: E4) sorgt für die Schließung der Phosphodiester-Lücken.

● Didaktisch-methodische Hinweise:

Bei dieser Replikationsdarstellung müssen also mehr Informationen verbal vermitteln werden als bei der Computer-Simulation, da nur der Wechsel statischer Zustände demonstriert werden kann.
Die Fakten, die bei der Foliendarstellung nicht berücksichtigt wurden, müssen vom Lehrer verbal vermittelt werden.
Der Einsatz im Unterricht erfolgt analog zum Einsatz der Simulation.

Die Lernziele sind die gleichen wie bei der Simulation.

4.2. TRANSKRIPTION

Da die Mechanismen, die die Initiation, die Elongation und die Termination der Transkription bewirken, gänzlich voneinander verschieden sind, wird jeder Vorgang in einem separaten Modell dargestellt.

4.2.1. INITIATION DER TRANSKRIPTION

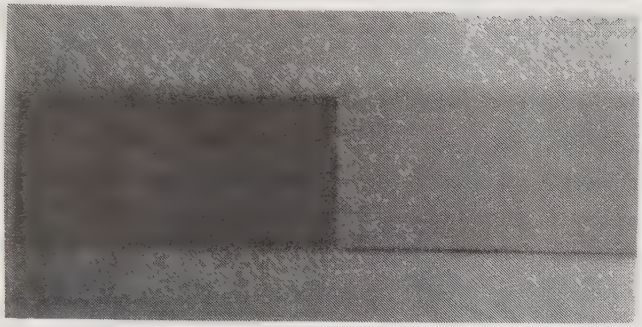
● Sachanalyse:

Die RNA-Polymerase bewegt sich an der DNA entlang.
Sie erkennt ein Gen an dem Promotor, der sich unmittelbar davor befindet. Dieser Promotor enthält eine ´Erkennungs-´ und eine ´Bindungsstelle´. Darunter sind zwei kurze Nukleotidsequenzen zu verstehen.
Die RNA-Polymerase nimmt zuerst losen Kontakt mit der ´Erkennungsstelle´ auf (ca. 35 Nukleotide vor dem Genanfang. An der ´Bindungsstelle´ wird dann ein enger Kontakt mit der DNA ermöglicht: Eine Enzymuntereinheit der Polymerase, der σ - Faktor,bedingt diese feste Bindung. Er löst sich, wenn die beginnende RNA ca. 10 Nukleotide lang ist. Vier weitere Faktoren sind für Wechselwirkungen zwischen Enzym und DNA bzw. Ribonukleotide verantwortlich.
Je ähnlicher die Sequenzen von ´Erkennungs- und Bindungsstelle´ jeweiligen Idealsequenzen sind, desto häufiger wird das folgende Gen ´abgelesen´.
Promotoren von Genen, die wichtige Proteine kodieren, müssen also den Idealsequenzen weitgehend entsprechen.

● Darstellung:

Das Modell soll hauptsächlich diese Enzym-DNA-Wechselwirkung berücksichtigen (vgl. Abb. 4.8):
Die Polymerase (weiß) gleitet solange über die Doppelhelix, bis sie an einen Promotor (blau) gelangt. Dort kann der ´lose Kontakt´ zwischen Enzym und DNA in einen ´engen´ übergehen: der Promotor ist mit Magneten bestückt, die RNA-Polymerase mit Metallstreifen. Die Anzahl der Magnete am Promotor charakterisiert eine bestimmte Nukleotidsequenz. Die Anzahl der Metallstreifen an der RNA-Polymerase deutet auf eine bestimmte räumliche Struktur hin.
Je mehr Magnete sich am Promotor befinden, desto ähnlicher wird die Nukleotidsequenz einer "Idealsequenz", die sich durch eine hohe Affinität zur RNA-Polymerase auszeichnet. Je höher diese Affinität ist, desto häufiger wird das nachfolgende Gen (gelb) transkribiert.

a



b

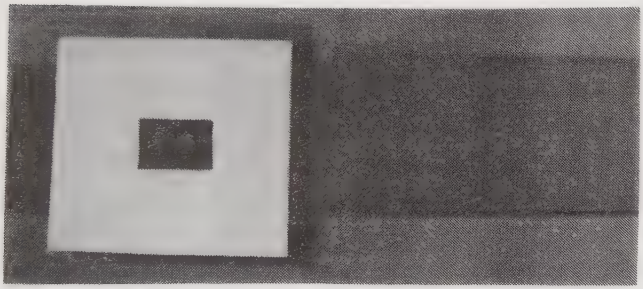


Abb. 4.8
Modell zur Initiation der Transkription
RNA-Polymerase - weiß, Promotor - blau, Gen - gelb
Die Magnete symbolisieren bestimmte Promotorsequenzen, die die Affinität zur Polymerase erhöhen. Je mehr Magnete vorhanden sind, desto höher ist die Affinität und desto häufiger wird transkribiert.

a) Promotor und Gen ohne RNA-Polymerase: Magnete sind sichtbar
b) Die RNA-Polymerase ist eine enge Bindung mit dem Promotor eingegangen

● Didaktisch-methodische Hinweise:

Das Modell soll vom Lehrer an der Tafel demonstriert werden. Anhand einer Folie (s. Abb. 4.9) kann zusätzlich zwischen ´Erkennungs- und Bindungsstellen´ unterschieden werden.
Die Nukleotide sind numeriert. Der Lehrer erklärt dazu, daß der Genanfang als +1 definiert wird. Der davorliegende Promotor wird demnach mit negativen Zahlen versehen.
Anschließend soll durch einen Vergleich von Modell und Folie deutlich herausgestellt werden, daß die unterschiedliche Anzahlen von Magneten den verschiedenen Sequenzen der ´Erkennungs- und Bindungsstellen´ entsprechen.
Die Anzahl der Magnete im Modell determiniert die Häufigkeit der Transkription.

● Lernziele:

Die Schüler sollen:
- erkennen, daß die Transkriptionshäufigkeit verschiedener Gene unterschiedlich ist.
- verstehen, daß bei Prokaryoten die Transkriptionshäufigkeit von der Struktur des Promotors abhängt, der sich vor dem jeweiligen Gen befindet.
- erkennen, daß die unterschiedliche Transkriptionshäufigkeit durch die Affinität zwischen RNA-Polymerase und Promotor bedingt ist.
- die Magnet-Metall-Wechselwirkung im Modell als Wechselwirkung zwischen Nukleotidsequenz des Promotors und Aminosäuresequenz des Enzyms interpretieren.
- die Bedeutung von ´Erkennungs- und Bindungsstellen´ beschreiben.

INITIATION DER TRANSKRIPTION :

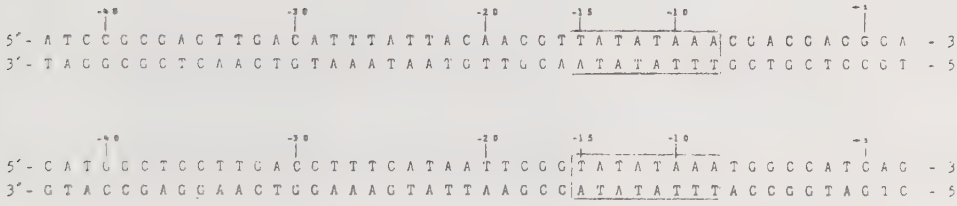


Abb. 4.9
Ausschnitte aus den Promotoren zweier Gene von E.coli:
blau: Erkennungsstelle,
rot : Bindungsstelle der RNA-Polymerase

4.2.2. MODELL ZUR ELONGATION DER TRANSKRIPTION

● Sachanalyse:

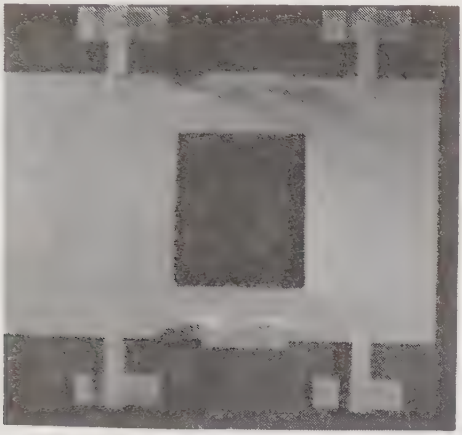
Nachdem die RNA-Polymerase einen Promotor ´erkannt´ hat, werden mindestens 14 Ribonukleotide synthetisiert. Dann löst sich bei Prokaryoten der σ - Faktor, der eine enge Bindung zwischen Enzym und DNA bewirkt hat, aus dem Enzymkomplex, und der Restkomplex setzt die Polymerisation der mRNA fort.
Räumlich gesehen hängt der neu entstehende Strang aus der DNA heraus. Die Helix kann demzufolge nach der Synthese sofort wieder geschlossen werden.
Die Geschwindigkeit der RNA-Synthese liegt bei ca. 35 Polymerisationsschritten/Sekunde.

● Darstellung:

Das Modell soll den dynamischen Vorgang des Sichöffnens und Sichschließens der Doppelhelix veranschaulichen (s. Abb. 4.10).
Die DNA wird durch die gleichen Strukturen symbolisiert wie bei den Modellen zu ihrem Aufbau und zur Replikation.
Die RNA-Polymerase ist ein vergrößertes Exemplar des schon bei der Initiation benutzten Symbols (vgl. Abb. 4.8). Zusätzlich sind vier Magnethalter angebracht, die jeweils umklappbar sind. Die anderen Modellteile sind jeweils an der Rückseite mit Magneten versehen.
Durch das ´Fenster´ ist die Teilung des Doppelstrangs zu beobachten. Dort findet dann auch die Synthese der RNA statt (im Modell aus oben erwähntem Grund nicht dargestellt).

Bewegt sich die Polymerase weiter an der DNA entlang, so wird der schon transkribierte Bereich wieder geschlossen.
Auf die Darstellung der RNA-Synthese kann verzichtet werden, da der Vorgang analog zur DNA-Replikation abläuft.

a



b

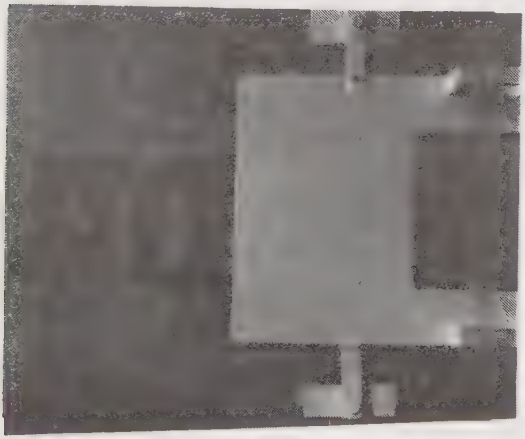


Abb. 4.10
Modell zur Elongation der Transkription
Die RNA-Polymerase ist weiß dargestellt. Das ´Fenster´ macht den theoretische RNA-Syntheseort deutlich.
a) Die Polymerase öffnet den DNA-Doppelstrang
b) Nach vollzogener RNA-Synthese, im Modell nicht berücksichtigt, wird die Helix wieder geschlossen.

● Didaktisch-methodische Hinweise:

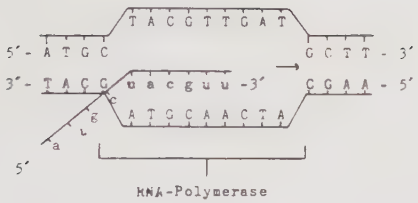
Der Lehrer demonstriert das Modell an der Tafel.
Ein Arbeitsblatt (s. Abb. 4.11) stellt den groben Transkriptionsablauf dar und differenziert noch die verschiedenen Funktionen der RNA-Polymerase-Untereinheiten.
Zusammenfassend sollen die wichtigsten Aspekte der Initiation und der Elongation genannt werden.

● Lernziele:

Die Schüler sollen:
- erkennen, daß die RNA-Polymerase den DNA-Doppelstrang auftrennt und wieder schließt.
- erkennen, daß nur ein Strang (der ´codogene´ Strang) abgelesen wird.
- eine Analogie zwischen dem Transkriptionsvorgang und der DNA-Replikation erkennen.

TRANSKRIPTION

1. Grober Ablauf:



2. Transkriptionsenzym von E.coli

RNA-Polymerase: 5 Untereinheiten

- 2 α : DNA-Enzymwechselwirkung
- 1 β : Bindung der Nukleotide
- 1 β': Bindung an die DNA (Elongation)
- 1 σ : Bindung an die DNA (Initiation)

Abb. 4.11
Arbeitsblatt zur Transkription
Grober Ablauf: Kleinbuchstaben deuten Ribonukleotide an. Die Funktionen der RNA-Polymerase-Untereinheiten sind angegeben.

4.2.3. TERMINATION DER TRANSKRIPTION

Sachanalyse:

Am Genende findet sich auf der DNA ein Bereich, der aus einer GC-reichen und/oder einer AT-reichen Sequenz besteht. Dieser Bereich wird noch transkribiert, enthält jedoch keine Informationen mehr.

Am 3'-Ende der RNA kann durch Wasserstoffbrücken-Bindungen zwischen den Basen komplementärer Nukleotide eine haarnadelähnliche Schleife entstehen. Sie bewirkt, eventuell zusammen mit einem Protein, dem Rho-Faktor, den Abbruch der Transkription. Eine GC- oder AT-reiche Sequenz kann die Bildung einer Haarnadelschleife auf der RNA bedingen.

Diese Schleife hemmt dann die Polymerasefunktion so, daß es zu einer Trennung der 3 Komponenten DNA, RNA und Enzym kommt, eventuell mit Hilfe des Rho-Faktors. Zu ihrer Funktion gibt es zwei Theorien:

- Diese Struktur kann ein räumliches Hindernis bedeuten.
- Die Affinität der RNA-Polymerase zum RNA-Doppelstrang ist höher als zur DNA. Demzufolge verläßt der Enzym-RNA-Komplex die DNA.

Ob der Terminationsfaktor bei der Trennung der Komponenten eine Rolle spielt, ist unklar.

Die eigentliche Schleife, die sich am oberen Ende des neu gebildeten Doppelstrangs befindet, besteht aus mindestens 5 Basen.

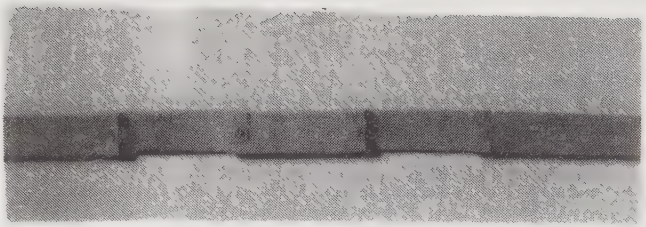
Die transkribierte RNA fungiert als "Bote" (engl. messenger). Daher wird sie als mRNA bezeichnet. Sie übermittelt die Information eines Gens zu den Orten der Proteinbiosynthese.

Während bei Prokaryoten so gut wie keine räumliche Distanz zu überwinden ist, findet bei Eukaryoten die Proteinsynthese außerhalb des Zellkerns statt.

● Darstellung:

An einem einfachen Modell soll die Entstehung einer Haarnadelschleife demonstriert werden (s. Abb. 4.12).
Die Schleife, die sich am oberen Ende des neusynthetisierten Doppelstranges befindet, ist im Modell in Form einer waagerechten Verbindung zwischen den beiden aneinandergelegten Einzelsträngen dargestellt.
Diese Idealisierung war aus mechanischen Gründen notwendig. Mit Hilfe einer zusätzlichen Folie kann das richtiggestellt werden (s. Abb. 4.13).
Die Wasserstoffbrücken-Bindungen des Doppelstranges blieben unberucksichtigt.

a



b

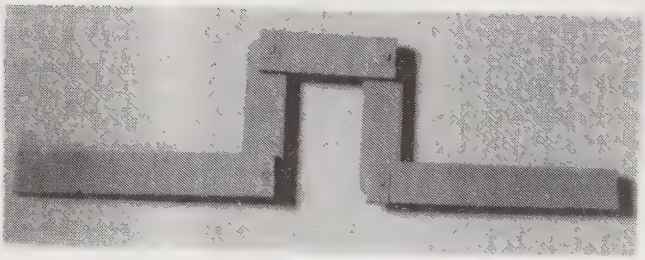


Abb. 4.12
Modell zur Termination der Transkription
a) Das 3´-Ende einer RNA (hellgrün) isoliert betrachtet
b) durch Wasserstoffbrücken-Bindungen zwischen komplementären Basen kann eine solche Haarnadelschleife entstehen. Sie bedingt den Abbruch der Transkription. Die Querverbindung zwischen den durch Wasserstoffbrücken verbundenen Schenkeln ist idealisiert.

● Didaktisch-methodische Hinweise:

Die Schüler vermuten spezifische Gensequenzen als Terminationssignale.
Eine Folie (s. Abb. 4.13) präzisiert diese Vermutung: Auf der Folie ist eine GC-reiche Sequenz angenommen worden.
Der Lehrer verwendet das Modell, um die Ausbildung einer Haarnadelschleife zu demonstrieren.
Er sollte beide Theorien zur Funktion der Schleifen erläutern. Danach sollte über die biologische Funktion der entstandenen RNA gesprochen werden.

● Lernziele:

Die Schüler sollen:
- erklären, wie es zu einer Haarnadelschleifenbildung kommen kann.
- die Funktion dieser Schleifen erläutern.
- zwei Theorien benennen, die den Wirkungsmechanismus der Schleifen erklären.
- die Bedeutung der mRNA angeben.

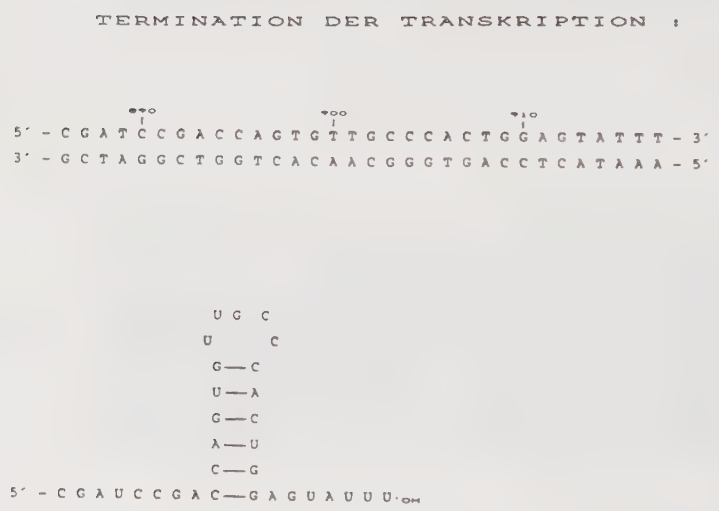


Abb. 4.13
Termination der Transkription
Am 3′-Ende eines Transkriptionsproduktes kann sich durch Paarung komplementärer Nukleotide ein kurzer DNA-Doppelstrang bilden. Dieser bewirkt den Abbruch des Ablesevorgangs.

4.3. TRANSLATION

Sachanalyse:

Initiation:

Der Initiationsfaktor IF 3 stabilisiert den dissoziierten Zustand der kleineren Ribosomenuntereinheit. An diese Untereinheit bindet sich die mRNA.
Als Startsignal muß AUG oder seltener GUG vorliegen.
Weitere Startsignale werden vermutet, sind aber noch nicht bekannt (vgl. KAUDEWITZ, S. 135).
Eine bestimmte Aminoacyl-tRNA, die f·met-tRNA, geht eine Bindung mit dem Initiationsfaktor IF 2 unter Anlagerung eines GTP-Moleküls ein.
Die kleinere Ribosomenuntereinheit, IF 3 und die mRNA bilden einen Komplex mit der f·met-tRNA, IF 2 und GTP. An diesem Vorgang ist der Initiationsfaktor IF 1 beteiligt.

Elongation:

IF 3 dissoziiert von der kleineren Ribosomenuntereinheit, die größere lagert sich so an, daß sich die f·met-tRNA an der Peptidyl-Stelle befindet.
Die Aminoacyl-Stelle ist noch frei.
Dann verlassen IF 1 und IF 2 das Ribosom. Zur Ablösung von IF 2 ist die Hydrolyse eines GTP-Moleküls notwendig.
Die mRNA befindet sich in der Einschnürung zwischen beiden Ribosomenuntereinheiten.
Die Bindung einer weiteren Aminoacyl-tRNA an die A-Stelle ist nur möglich, wenn eine korrekte Paarung zwischen mRNA-Codon und Anticodon der tRNA besteht.

Nach einer Konfigurationsänderung der tRNA bindet sich die Pseudo-U-Schleife an die CGAA-Sequenz einer 5 S-rRNA der größeren Untereinheit. Diese Reaktion wird vom Elongationsfaktor Tu katalysiert. Dabei wird GTP zu GDP + P hydrolysiert. Die Energie wird nach katalysierter Reaktion dazu benötigt, den Komplex Tu·GDP vom Ribosom zu lösen.
Der Elongationsfaktor Ts bewirkt eine Regeneration des Komplexes zu Tu·GTP.
Nun wird die Peptidbindung zwischen der Carboxylgruppe der f·met-tRNA und der Aminogruppe der zweiten Aminoacyl-tRNA hergestellt. Die Reaktion wird vom Peptidyltransferase-Bezirk des Ribosoms katalysiert.
An der P-Stelle bleibt eine unbeladene tRNA übrig. Sie dissoziiert, wenn sich an der A-Stelle eine Peptidyl-tRNA befindet.
Die mit einem Dipeptid beladene tRNA wird an die freigewordene Stelle transferiert. Der Elongationsfaktor EF·G, der als Komplex an GTP gebunden vorliegt, katalysiert den Ortswechsel. Die Energie, die zur Lösung des Elongationsfaktors vom Ribosom notwendig ist, wird durch die Hydrolyse eines GTP-Moleküls gewonnen. Mit dem Transfer der Peptidyl-tRNA wandert auch die mRNA um ein Codon weiter.
Der beschriebene Vorgang läuft von vorne ab.
Sobald das Startcodon nicht mehr an das erste Ribosom gebunden ist, kann es mit der kleineren Untereinheit eines weiteren Ribosoms einen Komplex bilden. Auf diese Weise entstehen Polysomen.
Eine Polypeptidkette entsteht mit einer Geschwindigkeit von ca. 20 Aminosäuren/Sekunde [bei Eukaryoten: ca. 6 Aminosäuren /Sekunde (vgl. KNIPPERS 1982, S. 140)].

► Termination:

Zu den Stopcodons UAG (= amber), UAA (= ochre) und UGA (= opal) gibt es keine tRNAs, die dazu ein passendes Anticodon besitzen.

Der Peptidyltransferase-Bezirk des Ribosoms hydrolysiert die Bindung zwischen der tRNA, die sich an der P-Stelle befindet, und dem Polypeptid unter Beteiligung dreier Terminationsfaktoren: RF 1 ist auf die Codons UAA und UAG, RF 2 auf UGA und UAA spezialisiert. RF 3 katalysiert unter GTP-Aufnahme die Bindung von RF 1 oder RF 2 an das entsprechende Stoppcodon.

Die Hydrolyse des GTPs liefert die Energie für das Ablösen der Terminationsfaktoren von Ribosom und mRNA.

Nachdem das Polypeptid das Ribosom verlassen hat, trennt eine Deformylase den Formyl-Rest des N-terminalen Formylmethionins ab.

IF 3 bedingt die Dissoziation des Ribosoms.

1. Computer-Simulation I - Gesamtdarstellung

Darstellung:

Die Simulation erfüllt folgende Bedingungen:

- Eine mRNA mit 30 Basen kann beliebig eingegeben werden.
- Bis zum Auftreten eines Starttripletts wird die mRNA jeweils um ein Nukleotid "weitergeschoben" (s. Abb. 4.14.1).
- Taucht ein Starttriplett auf, erscheint eine f-met-tRNA (s. Abb. 4.14.2).
- Der Rechner ordnet jedem Codon die passende Aminoacyl-tRNA zu.
- Die jeweilige Aminoacyl-tRNA lagert sich an der A-Stelle (= Aminoacyl-Stelle) an. Nur die f-met-tRNA lagert sich an der P-Stelle (= Peptidyl-Stelle) an (vgl. Abb. 4.14.3 und 4.14.4), da diese Aminoacyl-tRNA die Polypeptidsynthese einleitet. Ansonsten befindet sich an der P-Stelle jeweils eine tRNA, an die ein Peptidylrest gebunden ist.
- Die Bindung zwischen dem Peptidyl-Rest und der Aminoacyl-tRNA, die sich an der P-Stelle befindet, wird gelöst, und der Rest wird auf die Aminogruppe einer zweiten Aminoacyl-tRNA übertragen (A-Stelle - s. Abb. 4.14.5).
- Die "entladene" tRNA verläßt die P-Stelle (s. Abb. 4.14.6).
- Die mRNA rückt ein Triplett weiter (s. Abb. 4.14.7).
- Die Translation ist beendet, wenn eines der drei Stopptripletts vorliegt.

  Der Rechner nennt den Namen des entsprechenden Tripletts ("ochre", "amber" oder "opal") und kommentiert, daß es zu dazu keine tRNA mit komplementärem Anticodon gibt.

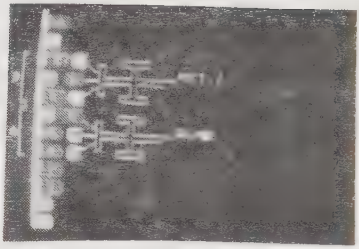
Ein Ribosom wird nur durch die Kennzeichnung der P- und A-Stelle angedeutet, da es bei maßstabsgetreuer Abbildung, entsprechend der mRNA-Größe, die Dimension des Bildschirms übersteigen würde.

Da das Programm nur den groben Ablauf der Translation und die Bedeutung von Start- und Stopptripletts veranschaulichen soll, wurde auf die Darstellung der verschiedenen Enzymwirkungen verzichtet. Zu viele Faktoren würden die Grafik unübersichtlich machen.

Abb. 4.14.1
Computer - Simulation zur Translation I
Die mRNA wird um jeweils ein Nukleotid weitergeschoben, bis an der P - Stelle ein Starttriplett vorliegt.

Abb. 4.14.2
Computer - Simulation zur Translation II
Nun erscheint eine met-f - tRNA.

Abb. 4.14.3
Computer - Simulation zur Translation III
Die met·f-tRNA lagert sich an der P-Stelle an.



Abb, 4.14.4
Computer - Simulation zur Translation IV
An der A-Stelle lagert sich eine weitere Aminoacyl-tRNA an.

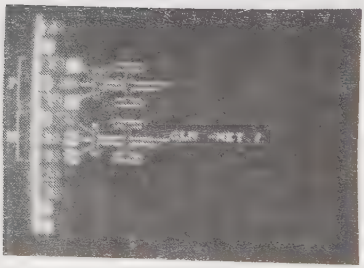


Abb. 4.14.5
Computer - Simulation zur Translation V
Beide Aminosäuren werden uber eine Peptidbindung verknüpft. Die untere bleibt dabei an der tRNA gebunden.

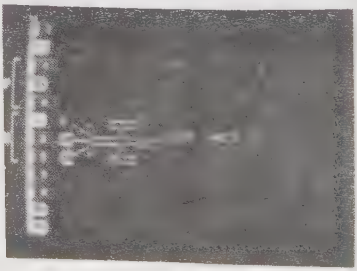


Abb. 4.14.6
Computer - Simulation zur Translation VI
Die ´entladene´ tRNA verläßt das Ribosom: die P - Stelle ist wieder frei.

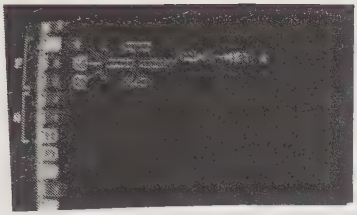


Abb. 4.14.7
Computer - Simulation zur Translation VII
Die Aminoacyl-tRNA, die sich bislang an der A-Stelle befand, rückt an die P-Stelle. Nun kann sich eine weitere Aminoacyl-tRNA an der A - Stelle anlagern.

● Didaktisch-methodische Hinweise:

Voraussetzung für die Benutzung des Translationsmodells ist das Wissen um die beteiligten Substanzen und deren Strukturen (Ribosomen, tRNAs, mRNA, Aminosäuren und Aminoacyl-tRNAs).

Folgende Fakten sollen von den Schülern aktiv erarbeitet werden:

- Es gibt 2 verschiedene Starttripletts (AUG und seltener GUG) und
- 3 verschiedene Stopptripletts (UAA, UAG und UGA).

Der eigentliche Translationsvorgang wird ohne Einflußmöglichkeit seitens der Schüler demonstriert. Er kann mittels eines Holzmodells (s.u.) erarbeitet werden.

Die Schüler können 30 beliebige Basen einer mRNA wählen. Diese mRNA bewegt sich nun jeweils um 1 Nukleotid weiter, bis an der P-Stelle ein Starttriplett liegt. In der Regel endet der erste Durchgang, ohne daß eine Translation initiiert wurde.
Bei der Erörterung des Problems wird dann ein Starttriplett postuliert. Durch weiteres Versuchen wird schließlich, meist schon beim zweiten Durchgang, eines gefunden.
Die Translation beginnt. Läuft sie bis zum Ende der 30 Nukleotide durch, taucht die Frage auf, wie ein Genende erkannt wird. In Analogie zum Startproblem wird dann die Hypothese aufgestellt, daß es dafür spezielle Stopptripletts gibt. Auch sie werden in einer Simulation ermittelt.
In einem weiteren Durchgang wird dann eine kurze Peptidkette synthetisiert. Anhand der simulierten Peptidkette wird die Bedeutung des "Code-Lexikons" (s. Abb. 4.15) erarbeitet.

● Lernziele:

Die Schüler sollen:
- durch aktive Auseinandersetzung mit dem Simulationsprogramm eigene Hypothesen zur Initiation und Termination der Translation erstellen, überprüfen und eventuell korrigieren.
- die Notwendigkeit von Starttripletts erkennen und durch Simulationen beide erarbeiten.
- den Vorgang der Elongation verstehen.
- die Notwendigkeit von Stopptripletts erkennen und durch Simulationen eins oder mehrere erarbeiten.

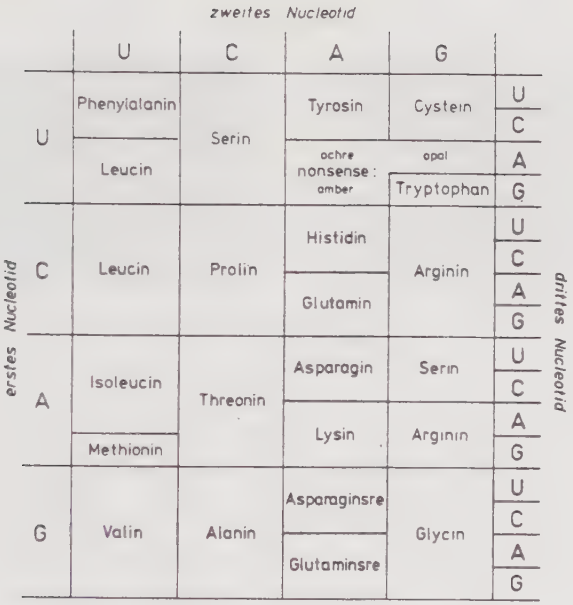


Abb. 4.15
Code-Lexikon (aus: KLAMBT/HEITMANN; S. 102)
Das Code-Lexikon enthält 61 Codone fur verschiedene Aminosäuren und 3 Nonsense-Codone (UAA = "ochre", UAG = "amber" und UGA = "opal").

2. Computer-Simulation II - Darstellung der Peptidbindungen

● Darstellung:

In allen anderen Modellen ist die Bindung zwischen Aminosäuren symbolisch angedeutet.
Mir dieser Simulation soll der Chemismus von Peptidbindungen im Translationsprozeß dargestellt werden. Bedingung ist, daß sich an der A- und P-Stelle jeweils eine Aminoacyl-tRNA befindet (s. Abb. 4.16.1).
Die Esterbindung zwischen tRNA und Aminoacylrest an der Peptidyl-Stelle wird jeweils gelöst und statt dessen eine Peptidbindung zu einem zweiten Aminoacylrest, der sich an der A-Stelle befindet, geknüpft (s. Abb. 4.16.2).
Durch "Blinken" werden die Atome optisch hervorgehoben, die miteinander reagieren. Ein Aufleuchten des Bildschirmrandes in verschiedenen Farben soll auf die Mitwirkung eines Enzyms hinweisen.
Die tRNA an der P-Stelle wird entladen und verläßt dann das Ribosom (s. Abb. 4.16.3).

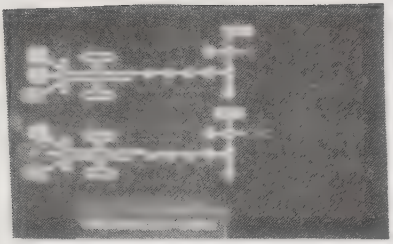


Abb. 4.16.1
Computer - Simulation zur Peptidbildung I
Zwei Aminoacyl - tRNAs mit folgenden Resten:
P-Stelle: Glycyl
A-Stelle: Alanyl

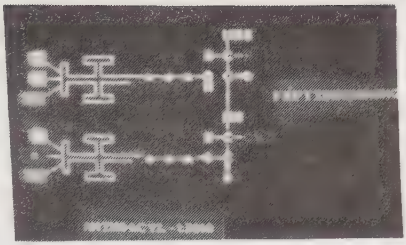


Abb. 4.16.2
Computer - Simulation zur Peptidbildung II
Die Esterbindung zwischen tRNA und Glycyl ist gelöst und die Peptidbindung zwischen Glycyl und Alanyl geknüpft.

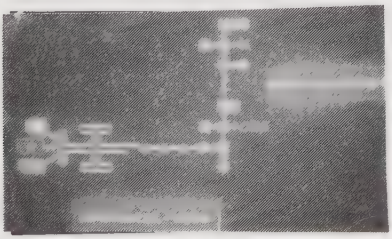


Abb. 4.16.3
Computer - Simulation zur Peptidbildung III
Die beiden Aminoacylreste sind verknüpft, und die ´entladene´ tRNA hat das Ribosom verlassen.

● Didaktisch-methodische Hinweise:

Da den Schülern das Prinzip der Peptidbindung aus dem vorangegangenen Unterricht bekannt sein dürfte, bietet die folgende Simulation Gelegenheit zur Wiederholung.
Die Vertiefung ergibt sich aus der Aktualisierung: Es werden jetzt keine freien Aminosäuren verknüpft, sondern Aminoacylreste von tRNAs.

Das Programm wurde entwickelt, da viele Schüler nur unzureichende Kenntnisse über Peptidbindungen aufwiesen. Das Thema wurde im Teilbereich "Stoffwechselphysiologie" in der Jahrgangstufe 11.2 oder 12.1 behandelt.
Der Einsatz des Programms ermöglicht eine kurze Wiederholung. Da alle an der Bindung beteiligten Atomgruppen optisch hervorgehoben werden, bedeutet es für die Schüler kein Problem, dem Reaktionsverlauf zu folgen.

● Lernziele:

Die Schüler sollen:
- das Prinzip von Peptidbindungen wiederholen und deren Bedeutung in der Proteinbiosynthese erkennen.
- erkennen, daß die Peptidbindungen von einem Enzym katalysiert werden.
- die verwendeten Aminosäuren anhand des "Code-Lexikons" (s. Abb. 4.15) identifizieren.

3. Holzmodell

● Darstellung:

Das Modell besteht aus:
- 1 Ribosom
- 1 mRNA
- 4 tRNAs
- 4 Aminosäuren

Das Ribosom ist flächig auf einem Blatt dargestellt.
Alle anderen Teile sind aus Holz gefertigt (s. Abb. 4.17.1).
Die Basensequenz der mRNA ist so gewählt, daß das Starttriplett (hier: AUG) nicht ganz am Anfang, sondern erst an 5. Stelle steht. Damit soll darauf hingewiesen werden, daß sich vor dem eingentlichen Gen noch ein Nichtkodierungsabschnitt (bei Prokaryoten ca. 40 Nukleotide) befindet, der u.a. durch Bindung an der 16 S-rRNA das Einfädeln in das Ribosom erleichtern soll.
Die beiden Stellen an der größeren Untereinheit, an denen sich aktivierte tRNAs anlagern, sind schematisch angedeutet.
Die kovalenten Bindungen zwischen AS-AS und AS-tRNA sind durch Klettenbänder symbolisiert.
Während die Aminosäuren Prolin, Serin und Valin an beiden Seiten Klettstreifen haben [sowohl die Säure- (= linke Seite) als auch die Aminogruppe (= rechte Seite) stehen für Bindungen zur Verfügung],hat das f·Met nur einen. Damit soll der Aminogruppen-Versiegelung durch eine Formaldehydgruppe Rechnung getragen werden. Die Syntheserichtung ist somit festgelegt.
Die Synthese einer Aminosäurekette ist in den Abb. 4.17.2 - 4.17.5 dargestellt.
Die Erarbeitung spezifischer Start- und Stopptripletts fehlt in diesem Modell.

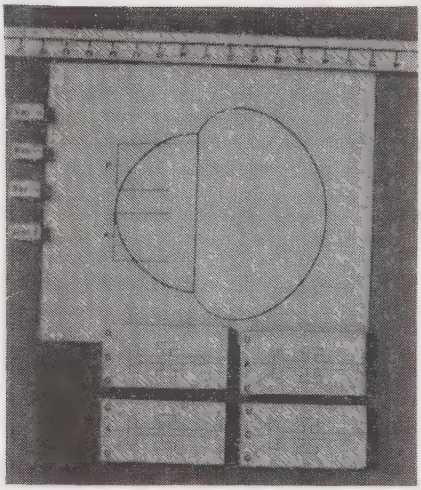


Abb. 4.17.1
Translationsmodell aus Holz - Arbeitsmaterial
Am 3´-Ende der tRNAs und an beiden Seiten der Aminosäuren (linke Seite: Säuregruppe, rechte Seite: Aminogruppe), mit Ausnahme von f·Met (nur an der linken Seite), befinden sich Klettbänder. Damit können die jeweiligen Bindungen zwischen AS-AS oder AS-tRNA hergestellt werden.

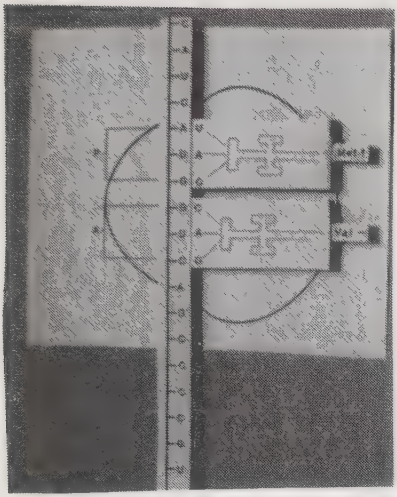


Abb. 4.17.2
Translationsmodell aus Holz - Erarbeitungsphase: Bild 1
An der P-Stelle befindet sich eine f·Met-tRNA, an der A-Stelle eine Val-tRNA.

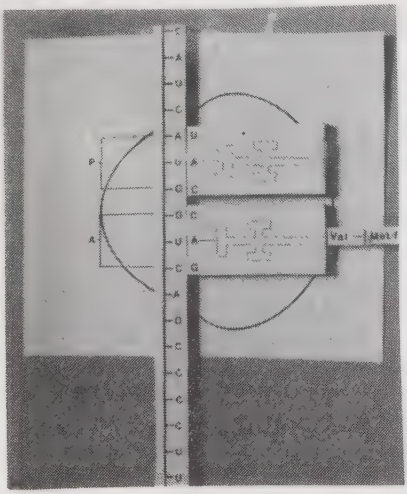


Abb. 4.17.3
Translationsmodell aus Holz - Erarbeitungsphase: Bild 2
f·Met ist an Val gebunden. Die tRNA, die sich an der P-Stelle befindet, ist "entladen".

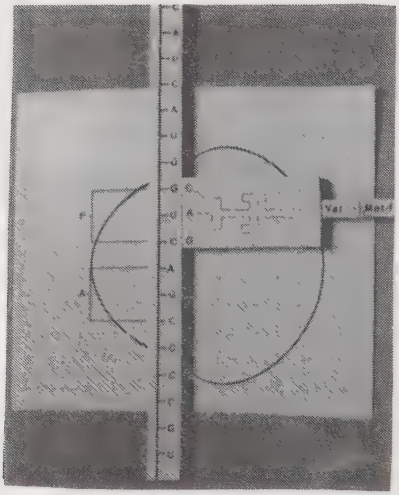


Abb. 4.17.4
Translationsmodell aus Holz - Erarbeitungsphase: Bild 3
Nachdem die entladene tRNA die P-Stelle verlassen hat, wird die mRNA mit der f·Met-Val-tRNA um ein Triplettraster weitergeschoben.
Nun ist die A-Stelle für die nächste Aminoacyl-tRNA frei.

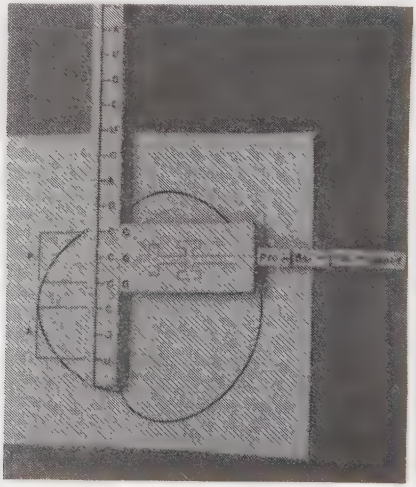


Abb. 4.17.5
Translationsmodell aus Holz - Endergebnis
Die Aminosaurekette Pro-Ser-Val-f·Met ist gebildet worden. Sie ist an eine tRNA gebunden, die sich an der P-Stelle des Ribosoms befindet. Die A-Stelle ist frei für die Anlagerung der nächsten Aminoacyl-tRNA.

● Didaktisch-methodische Hinweise:

Da das Modell die gleichen Symbole wie in der Simulation benutzt, kann es separat, vor oder nach der Computer-Simulation eingesetzt werden. Es eignet sich sowohl zur Erarbeitung des Translationsablaufes als auch zur Überprüfung von bereits Gelerntem.
Während der Erprobung wird es als Alternative zur Simulation eingesetzt.
Die Schüler bekommen in 2 er Gruppen je ein Modell. Damit sollen folgende Arbeitsaufträge gelöst werden:

1. Worin unterscheidet sich im Modell die Aminosäure f·Met von den 3 anderen ?
   Was könnte dieser Unterschied für einen Sinn haben ?
2. Stellen Sie mit Hilfe eines "Code-Lexikons" fest, welche Aminosäure sich an welcher aktivierten tRNA befindet.
   Aktivieren Sie die vor Ihnen liegenden tRNAs unter Vernachlässigung der dafür benötigten Energie.
3. Fädeln Sie die mRNA ´in´ das Ribosom ein, und versuchen Sie unter Beachtung der P- und A-Stelle ein Oligopeptid zu synthetisieren.

● Lernziele:

Die Schüler sollen:
- den Unterschied zwischen f·Met und den 3 anderen Aminosäuren erkennen und interpretieren.
- für die vorgegebenen tRNAs mit Hilfe des "Code-Lexikons" (s. Abb. 4.15) die zugehörigen Aminosäuren benennen.
- eine Aminosäurekette synthetisieren.

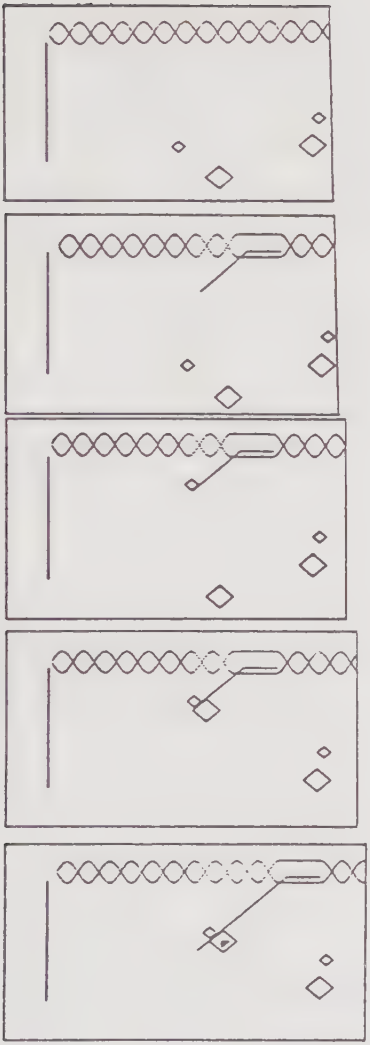
4.4. PROTEINBIOSYNTHESE

* Darstellung:

Alternativ kann ein "Daumenkino" oder eine Computer-Simulation den groben Ablauf der Transkription und der Translation zusammenfassend darstellen. Das "Daumenkino" enthält die gleichen Darstellungen, die auch in der Simulation verwendet werden.
Ausgangspunkt sind zwei Ribosomen, die dissoziiert vorliegen und eine DNA-Doppelhelix (s. Abb. 4.18.1).

Ablauf (s. Abb. 4.18.1 - 4.18.3):

- Der DNA-Doppelstrang wird in einem bestimmten Bereich geöffnet und transkribiert.
- An die entstehende mRNA lagert sich zuerst die kleinere Ribosomenuntereinheit an, dann die größere.
- Das Starttriplett befindet sich nicht direkt am 5'-Ende der mRNA.
- Während an der mRNA die Translation beginnt, wird die DNA weiter abgelesen.
- Der transkribierte Bereich wird wieder geschlossen, der noch zu transribierende wird geöffnet: So wandert der Transkriptionsabschnitt weiter. An dieser Stelle ist die Doppelhelixstruktur der DNA aufgehoben.
- Ein zweites Ribosom lagert sich an die mRNA an, und die Translation beginnt auch an diesem.
- Nach Beendigung der Transkription liegt die DNA wieder als Doppelhelix vor.
- Die mRNA entfernt sich von der DNA.
- Die Translation ist am ersten Ribosom beendet. Das Protein löst sich. Das Ribosom dissoziiert in zwei Untereinheiten.



1. DNA-Doppelhelix und dissoziierte Ribosomenuntereinheiten.

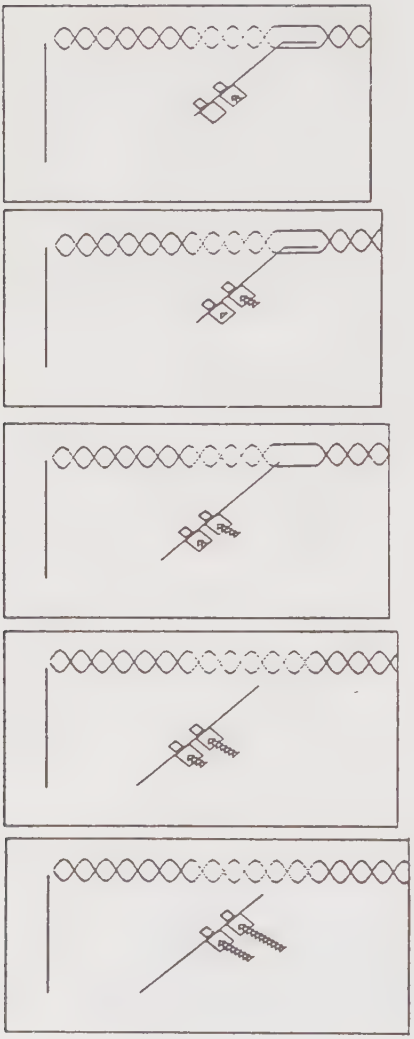
2. Die Transkription eines Gens hat begonnen.

3. Die erste kleine Ribosomenuntereinheit lagert sich an der mRNA an.

4. Die größere Untereinheit kommt hinzu.

5. Nach kurzer Zeit lagert sich die erste Aminoacyl-tRNA an.
(Das Anfangsstück der mRNA beinhaltet keine Information !)

Abb. 4.18.1
Proteinbiosynthese I
Darstellung in Form eines Daumenkinos oder als Computer-Simulation
Die einzelnen Phasen sind beschriftet.
Die Ribosomenuntereinheiten sind jeweils durch verschieden große Vierecke symbolisiert.
Ein Dreieck stellt eine Aminosäure dar.



6. Ein zweites Ribosom ist assoziiert.

7.

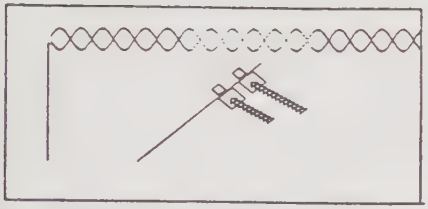
8.

9.

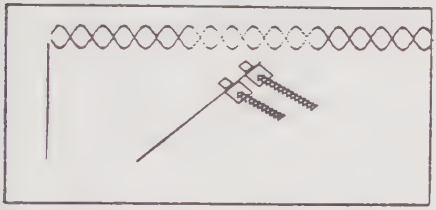
Sukzessives Wachsen der Aminosäureketten an beiden Ribosomen.

10.

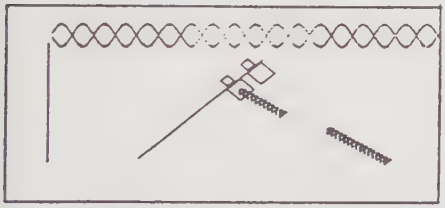
Abb. 4.18.2
Proteinbiosynthese II
Darstellung in Form eines Daumenkinos oder als Computer-Simulation
Die einzelnen Phasen sind beschriftet.
Die Ribosomenuntereinheiten sind jeweils durch verschieden große Vierecke symbolisiert.
Ein Dreieck stellt eine Aminosäure dar.



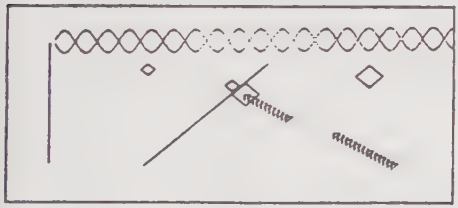
11. Sukzessives Wachsen der Aminosäureketten an beiden Ribosomen.



12. Am ersten Ribosom ist ein Protein synthetisiert worden.



13. Das fertige Protein löst sich vom Ribosom.



14. Das erste Ribosom dissoziiert in seine Untereinheiten.

Abb. 4.18.3
Proteinbiosynthese III
Darstellung in Form eines Daumenkinos oder als Computer-Simulation
Die einzelnen Phasen sind beschriftet.
Die Ribosomenuntereinheiten sind jeweils durch verschieden große Vierecke symbolisiert.
Ein Dreieck stellt eine Aminosäure dar.
Das Protein besteht hier aus 15 Aminosäuren. In der Wirklichkeit liegt die Anzahl der Aminosäuren/Protein nach KLAMBT/HEITMANN (1979) zwischen 50 und 1000.

● Didaktisch-methodische Hinweise:

Die Schüler bekommen 3 Arbeitsblätter, auf denen verschiedene Phasen der Proteinbiosynthese dargestellt sind. Sie sollen die einzelnen Abbildungen ausschneiden, chronologisch ordnen und jeweils am linken Rand so zusammenkleben, daß ein "Daumenkino" entsteht.

● Lernziele:

Die Schüler sollen:
- erkennen, daß Transkription und Translation bei Prokaryoten meist gekoppelt ablaufen.
- versuchen, den Ablauf der Proteinbiosynthese in einzelne Phasen zu unterteilen und diese zu beschreiben.
- den verschiedenen Syntheseabschnitten die entsprechenden Enzyme zuordnen.
- die Bedeutung der Transkription und der Translation wiederholen.

4.5. GENREGULATION

Es soll hier nur um Regulationen im Bereich der Transkription gehen.
Alle nachfolgenden Regulationsdarstellungen beschreiben Mechanismen, die bei Prokaryoten so ablaufen könnten.
Man unterscheidet negative und positive Kontrollen. Die negative Kontrolle bedingt den Ablauf oder eine Blockade der Transkription (qualitative Steuerung !). Wird positiv kontrolliert, so wird damit die Transkriptionsrate reguliert (Steuerung der Quantität !).

4.5.1. NEGATIVE KONTROLLE IM KATABOLISCHEN STOFFWECHSELS

● Sachanalyse:

Am besten untersucht ist die Regulation des Lactose-Abbaus bei Bakterien.
Werden Bakterien, die sich hauptsächlich von Glucose ernähren, in ein Medium gebracht, das nur Lactose enthält, kann man eine bis zu 1000 fache Zunahme von lactoseabbauenden Enzymen feststellen.
Es sind 3 Enzyme, die vermehrt entstehen:

- eine β - Galactosidase: Sie kann Lactose in Glucose und Galactose spalten.
- eine Permease: Sie erleichtert den Eintritt von Lactose in die Zelle.

- eine β - Galactosid-Acetylase: Sie katalysiert eine Anheftung von Acetylgruppen an Lactosemoleküle. Diese sind dann so verändert, daß sie von der Permease nicht mehr in die Zelle transportiert werden können. Hiermit ist ein Schutz vor einer zu hohen Lactosekonzentration im Zellinnern gegeben.

  Zusätzliche Vorgänge stellen sicher, daß die Enzyme entsprechend ihrer Reihenfolge in einer abnehmenden Anzahl produziert werden.

Die Gene, die diese Enzyme kodieren, liegen hintereinander auf der DNA und werden Strukturgene genannt. Vorgeschaltet ist ein Operator, der die Bindungsstelle für einen Repressor bildet. Davor liegt noch ein Promotor, an den sich zum Zwecke der Transkription die RNA-Polymerase heftet. Eine DNA-Sequenz, die aus Promotor, Operator und Strukturgenen besteht, wird als Operon bezeichnet.

Man kann die Operatorsequenz in symmetrische Teile zerlegen: Die linke Hälfte des 5´ - 3´ Stranges ist symmetrisch zur rechten Hälfte des 3´ - 5´ Stranges, entsprechend die beiden anderen Hälften (kreuzförmiges Palindrom). Dadurch wird klar, daß der Repressor nicht einfach die DNA-Sequenz erkennt, sondern daß sich bestimmte Aminosäuren des Repressors spezifisch an die Sequenz anlagern. Palindromartige Sequenz des Operators und tetramerer Aufbau des Repressors entsprechen sich und sind für die Wechselwirkung beider entscheidend.

Ist der Operator durch einen Repressor blockiert, so kann sich das Enzym nicht mehr am Promotor anlagern.

Es ist noch nicht bewiesen jedoch sehr wahrscheinlich, daß das an der überlappung von Promotor und Operator liegt, so daß bei Anlagerung eines Repressors auch ein kleiner Abschnitt des Promotors blockiert ist und sich dort keine Polymerase mehr anlagern kann.

Der Repressor wird von einem Regulator-Gen codiert, dem selbst wieder ein Promotor vorgeschaltet ist.
Er liegt in 2 Konformationszuständen vor. Eine Konformation weist eine hohe Affinität zum Operator auf, die Affinität der anderen ist wesentlich geringer. Der Repressorzustand mit der höheren Affinität wird im folgenden als R bezeichnet, der andere als R´. Die Bindung zwischen R und Operator ist also stärker und besteht länger als von R´ und Operator. Ist der Operator besetzt, so kann sich R auch an beliebigen anderen Stellen an die DNA binden und an ihr entlanggleiten, bis eine Operatorsequenz gefunden ist (s. FELSENFELS 1985, S. 54).
Zwischen beiden Repressorkonformationen herrscht ein Gleichgewicht, das lactoseabhängig ist. Liegt sehr wenig Lactose in der Zelle vor, ist das Gleichgewicht stark auf die Seite von R verschoben: Die Transkription gilt als blockiert. Fast sofort, wenn R dissoziiert, bindet aufgrund der hohen Affinität ein anderer R oder ein schon an der DNA gebundener R übernimmt dessen Stelle.
Liegt viel Lactose vor, so bindet sich ein Derivat des Zukkers an R´ und stabilisiert diese Repressorkonformation. Das Gleichgewicht verschiebt sich dann zugunsten von R´: Eine Transkription wird möglich. Da jetzt fast nur noch R´s vorliegen, dauert es aufgrund der geringen Affinität zum Operator länger, bis sich ein R´ an diesen anlegt. In der Zeit können die Gene transkribiert werden. Die wenigen noch vorhandenen R lagern sich an beliebigen Stellen der DNA an und wirken so als Konkurrenz zu der R´-Operator-Bindung. Die gebundenen R gleiten an der DNA entlang, bis sie eine Operatorsequenz finden. Verläßt ein R´ aufgrund seiner geringen Affinität den Operator, bindet sich ein R daran (s. FELSENFELS 1985, S. 54).

Da die Zugabe von Lactose eine häufige Transkription des Lac-Operons auslöst, wird die Lactose als Induktor bezeichnet. Wird im Laufe der Zeit die Lactosemenge wieder abgebaut, verschiebt sich das Gleichgewicht zugunsten von R. Die Transkription wird immer häufiger blockiert, bis so gut wie keine mehr stattfindet. (= Anfangszustand).

1. Computer-Simulation I

● Darstellung:

Die Computer-Simulation läuft in der Art eines steuerbaren Zeichentrickfilms ab.
Als Steuerungsmöglichkeiten bestehen:
- Anhalten an beliebiger Stelle und
- Hinzufügen von Lactose (Taste "L" drücken !).

Die unterschiedliche Affinität der beiden Repressorkonformationen ist durch eine etwas andere Struktur und durch eine längere Bindung von R am Operator dargestellt.
Liegt wenig Lactose vor, so stellt sich das Gleichgewicht zwischen R und R´ bei 9 : 1 ein (s. Abb. 4.19.3).
Bei Zugabe von Lactose verändert es sich allmählich bis sich das Verhältnis umgekehrt hat - R : R´ = 1 : 9 (s. Abb. 4.19.4).
Bevor R´ am Operator bindet, wird das Gen transkribiert (s. Abb. 4.19.2).
Der tetramere Aufbau des Repressors ist angedeutet (s. Abb. 4.19.3 und Abb. 4.19.4) , sowie die palindromartige Sequenz des Operators (s. Abb. 4.19.1).
Die schwarze Farbe beider Repressoren soll veranschaulichen, daß es sich nur um verschiedene Konformationen ein und desselben Proteins handelt.
Die Sequenzuberschneidung zwischen Promotor und Operator ist im Modell berücksichtigt.
Durch eine Zweiteilung wird Lactose als Disaccharid kenntlich gemacht (s. Abb. 4.19.4).
Das Programm ist so aufgebaut, daß nach dem 10. Assoziations-Dissoziationsvorgang ein Übergang in ein Lactosemedium simuliert wird, um so auf das Verhältnis von R und R´ hinzuweisen.

Abb. 4.19.1
Computer-Simulation des Lac-Operons
P : Promotor
O : Operator
S 1 : Strukturgen 1 -> β-Galactosidase
S 2 : Strukturgen 2 -> Permease
Der Sequenzbereich, in dem sich Promotor und Operator überschneiden, ist rot gestrichelt dargestellt.

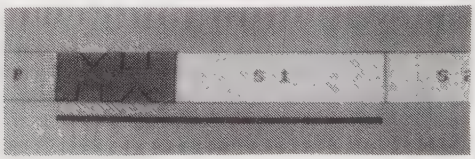


Abb. 4.19.2
Computer-Simulation zur Transkription des Lac-Operons
Da die Affinität von R´ zum Operator gering ist, dauert es länger, bis er sich angelagert hat. In dieser Zeit ist eine Transkription möglich.
Der schwarze Streifen symbolisiert die mRNA.
P: Promotor; O: Operator; S 1: Strukturgen 1; S 2: Strukturgen 2

Abb. 4.19.3
Computer-Simulation zur Regulation des Lac-Operons - Blockade durch R
Der Repressor R (schwarz) ist am Operator gebunden und blockiert die Transkription.
P: Promotor; O: Operator; S 1: Strukturgen 1; S 2: Strukturgen 2

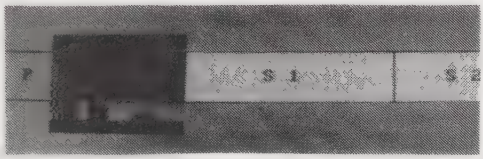


Abb. 4.19.4
Computer-Simulation zur Regulation des Lac-Operons - Blockade durch R´
Die Lactose ist an R´ gebunden (linker Rand).
Dieser Repressor (schwarz) lagert sich nur kurz am Operator an und blockiert die Transkription.
P: Promotor; O: Operator; S 1: Strukturgen 1; S 2: Strukturgen 2

● Didaktisch-methodische Hinweise:

Bei der ersten Simulation werden die Steuerungsmöglichkeiten noch nicht genutzt.
Die Schüler bekommen bestimmte Beobachtungsaufgaben:
1. Wie oft kommt jede Repressorkonformation vor ?
2. Welcher Repressorzustand bindet länger am Operator ?
Die Ergebnisse werden in einer Tabelle zusammengefaßt (s. Abb. 4.20).

Lactose-Menge	R	R´	Interpretation
gering	viel (9x)	sehr wenig (1x)	Blockade des Operators => so gut wie keine Transkription
viel	sehr wenig (1x)	viel (9x)	Operator wird selten blockiert => Transkription findet statt

Abb. 4.20
Tafelskizze zur Regulation des Lac-Operons
R : Repressor mit hoher Affinität zum Operator
R´: Repressor mit geringer Affinität zum Operator

Bei einem weiteren Durchgang empfiehlt es sich, sofort den Übergang in ein Lactosemedium per Tastendruck ("L" für Lactose) zu simulieren.

● Lernziele:

Die Schüler sollen:

- die Bedeutung der Enzyme kennen, die vom Lac-Operon kodiert werden.
- verstehen, welchen Nutzen ein biologisches System von einer Regulation der Transkription haben kann.
- erkennen, welchen Sinn die Regulation des Lac-Operons hat.
- verstehen, daß für eine Regulation der Transkription zwei Bedingungen erfüllt sein müssen:
  - es muß eine Nukleotidsequenz zwischen Promotor und Genanfang geben, an die ein spezielles Protein binden kann und damit eine Blockade für die RNA-Polymerase bewirkt.
  - dieses Protein, Repressor genannt, muß immer vorhanden sein und je nach Bedürfnis "ein- und ausgeschaltet" werden.
- nachvollziehen, warum ein Gleichgewichtszustand zwischen zwei Repressorkonformationen die zweite Bedingung erfüllt.
- die Bedeutung der Repressoraffinität für die Regulation der Transkription verstehen.
- erkennen, wie eine Gleichgewichtsverschiebung zugunsten einer Repressorkonformation die Transkriptionsrate beeinflußt.
- erklären, welche Auswirkungen die Aufnahme von Lactose für die Regulation des Lac-Operons eines Bakteriums hat.

2. Computer-Simulation II

Darstellung:

In dieser Simulation sollen die Beziehungen zwischen den Repressorkonformationen und deren Affinität zum Operator erarbeitet werden.
Eine bestimmte Lactose-Menge wird vorgegeben. Dann sollen entsprechende Konzentrationen von R, R´ und die entstehende Menge lactose-abbauender Enzyme geschätzt und dem Rechner eingeben werden.

Nachdem das Programm gestartet wird, stellt es sich selbst vor:
" Sie kennen jetzt grob den Regulationsmechanismus beim Lactose-Abbau.
Also kennen Sie die Bedeutung der Begriffe ´Affinität´ und ´Quantität´ für die Regulation.
Vorgegeben werden verschiedene Lactose-Mengen:
- viel Lactose -> wirkt stark induzierend
- wenig Lactose -> wirkt schwach induzierend

Ihre Aufgaben:
- zur jeweiligen Lactose-Menge die Enzymmenge grob schätzen, die für ihren Abbau erforderlich ist !
- der jeweiligen Lactose-Menge in etwa die entsprechenden Repressor-Konzentrationen zuordnen !

Die Werte, die Sie eingeben, werden in einem Säulendiagramm dargestellt.
Der Rechner macht Sie auf Ihre Fehler am Ende einer Simulation aufmerksam.

Beachten Sie:
Eine bestimmte Lactose-Menge verändert das Gleichgewicht der Repressoren spezifisch. Damit ändert sich auch die Menge lactose-abbauender Enzyme.
Bedingung: Die Konzentration von R + R´ muß 100 ergeben.

Aufgabe:
Wie hoch konnen die beiden Repressorkonzentrationen und die Menge lactose-abbauender Enzyme schätzungsweise sein, wenn eine geringe Lactose-Menge vorausgesetzt wird ?

Steuerung:
- Enzym-Menge: Taste E drücken = Menge nimmt zu
  Taste D drücken = Menge nimmt ab
  Enter-Taste drücken = fertig
- Repressorkonzentrationen: geschätzte Zahl eingeben
  Enter-Taste drücken = fertig"

Zwei Koordinatensysteme stellen separat eine variable Mengen- und eine definierte Konzentrationsskala dar (s. Abb. 4.21.1 und Abb. 4.21.2).
Im ersten Koordinatensystem wird jeweils nur zwischen einer geringen oder hohen Menge an Lactose und lactose-abbauenden Enzymen differenziert. Die vorgegebene Lactose-Menge schwankt innerhalb des Bereichs ´wenig´ oder ´viel´, um so anzudeuten, daß kein bestimmter Wert vorliegt. Die Lactose-Konzentration wird nicht genauer definiert, da von den Schülern eine exakte Berechnung, die dann auch feste Werte liefern würde, nicht verlangt werden kann.
Das zweite Koordinatensystem stellt die Konzentration der beiden Repressorkonfigurationen dar. Die Gesamtkonzentration beträgt 100 % . Je nach stark oder schwach induzierender Wirkung der Lactose-Menge ist das Gleichgewicht zwischen R und R´ stark zugunsten eines der beiden Konformationszustände verschoben.

Beim ersten Programmlauf wird eine geringe Lactose-Menge vorgegeben, d.h. die induzierende Wirkung ist gering.
Wird diese Aufgabe erfolgreich gelöst, müssen die entsprechenden Werte für eine hohe Lactose-Menge gesucht werden.

Für die Aufgabenbewältigung gibt es entsprechend der unspezifischen Lactose-Vorgabe einen Ermessensspielraum:

- bei geringer Lactose-Menge: 1. die Menge der entstehenden Enzyme soll größer als Null und geringer als die vorgegebene Lactose-Menge sein.
  2. ein bestimmter Repressorpool wird vorausgesetzt (R + R´ = 100). R´ kann zwischen 1 und 20 schwanken.
  So wird die wenig induzierende Wirkung der Lactose berücksichtigt.
- bei hoher Lactose-Menge : 1. die Menge der entstehenden Enzyme soll größer als 50 und geringer als die vorgegebene Lactose-Menge sein.
  2. Die Konzentration von R´ kann zwischen 80 und 99 schwanken.

Als Orientierung werden bestimmte Regeln und Hilfen gegeben:

- die Konzentrationswerte von R und R´ müssen addiert 100 ergeben.
- mit der Enzymkonzentration ändert sich das Gleichgewicht der Repressoren spezifisch. Damit ändert sich auch die Menge der lactose-abbauenden Enzyme.

- Bei falscher Lösung gibt der Computer folgende Hilfen:
  " Es sind mehr Enzyme vorhanden als gebraucht werden ! "
  " Es sind zuwenig Enzyme vorhanden ! "
  " Es liegt zuviel R´ vor ! "
  " Es liegt zuwenig R´ vor ! "
  " Die Repressoren sind nicht im Gleichgewicht (R+R´<>100)!"

Steuerung:
Die Menge lactose-abbauender Enzyme wird durch Drücken der Tasten "E" und "D" beeinflußt. Je länger "E" gedrückt wird, desto höher steigt der Balken, der die Enzym-Menge anzeigt. Wird die Taste "D" betätigt, so sinkt die Enzym-Menge.
Haben sich die Schüler auf eine Einstellung geeinigt, so wird die "Enter-Taste" gedrückt. Die Steuerungsmöglichkeiten sind in einem ´Grafikfenster´ unterhalb des Koordinatensystems dokumentiert.
Bei den Repressorkonzentrationen müssen geeignete Werte eingegeben werden. In zwei weiteren ´Grafikfenstern´ unterhalb des jeweiligen Balkens werden sowohl die in der vorherigen Runde festgelegten als auch die neuen Werte für R und R´ angezeigt.
Ein großes ´Grafikfenster´ am unteren Bildschirmrand weist die Schüler auf eventuelle Fehler hin oder gibt an, daß die Aufgabe korrekt gelöst wurde.

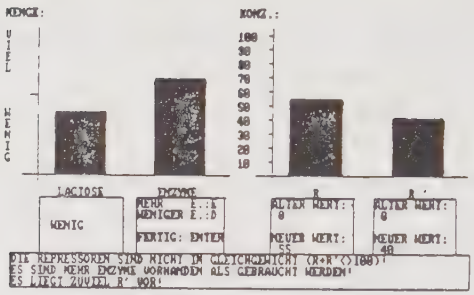


Abb. 4.21.1
Computer-Simulation zur Genregulation am Beispiel von Lactose
Eine geringe Lactose-Menge ist vorgegeben.
Um die Hilfen, die der Rechner gibt, darzustellen, wurden falsche Eingaben gemacht:
- Die Menge lactose-abbauender Enzyme ist zu hoch.
- Die Konzentration von R´ entspricht nicht der gering induzierenden Wirkung der Lactose-Menge.
- Es wurde nicht berücksichtigt, daß die Gesamtkonzentration der beiden Repressorkonformationen 100 % beträgt.

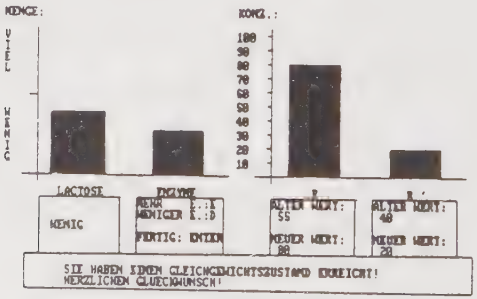


Abb. 4.21.2
Computer-Simulation zur Genregulation am Beispiel von Lactose
Eine mögliche Lösung:
- Enzym-Menge: größer als 0, kleiner als Lactose-Menge
- Repressoren: R´ größer als 0 und kleiner oder gleich 20 (hier: 20)
  R größer oder gleich 80 und kleiner als 100 (hier: 80)

● Didaktisch-methodische Hinweise:

Da die Verschiebung der Gleichgewichtszustände zwischen beiden Repressorkonformationen allen Schülern große Verständnisschwierigkeiten bereitete, wurde diese Simulation entwickelt, in der die Schüler das Gelernte selbsttätig anwenden können. Die Dynamik der Abläufe wird in dieser Simulation besonders berücksichtigt.
Die Computer-Simulation wurde bisher nicht im Unterricht erprobt.
Es empfiehlt sich, sie nach der Besprechung des Lac-Operons einzusetzen.

● Lernziele:

Die Schüler sollen:
- zu vorgegebenen Lactose-Mengen die entsprechenden Konzentrationen von R, R´ und der lactose-abbauenden Enzyme schätzen.
- die Gleichgewichtsbeziehungen zwischen den beteiligten Substanzen verstehen.

3. Holzmodell

● Darstellung:

Alle Regulationsmodelle sind analog zu den Simulationen entwickelt. Die Strukturen und Farben entsprechen sich. Sie sind fur eine Tafeldemonstration gedacht und deshalb auf der Rückseite mit Magneten versehen.
Der tetramere Aufbau der Repressoren (s. Abb. 4.22.3 und 4.22.4) ist genauso dargestellt wie in der Simulation.
Die palindromartige Sequenz des Operators und die Sequenzüberschneidung zwischen Promotor und Operator sind im Modell berücksichtigt (s. Abb. 4.22.1).
Um die Einheit der DNA-Struktur hervorzuheben, ist über die Einschnitte, die das 'Zueinanderpassen' von Nukleotidsequenzen des Operators zu der Aminosäurefolge der Repressoren und Operator andeuten, eine durchsichtige Plexiglasplatte geklebt.
Die Affinität zwischen Promotor und RNA-Polymerasen wird durch Magnete und Eisenplättchen symbolisiert (s. Abb. 4.22.1). Eine mittlere Affinität wird angenommen. An der Rückseite des Polymerasen-Modells befinden sich 7 Eisenplättchen, wobei der Promotor an entsprechender Position nur über 5 Magnete verfügt.
Das Gen würde durchschnittlich oft transkribiert, ließe man den Regulationsmechanismus außer acht.
Mittels Magnet kann das Lactose-Modell (orange) an R' gebunden werden (s. Abb. 4.22.4). Ein schwarzer Querstrich deutet an,daß die Lactose ein Disaccharid ist.

Das Modell vermag nicht zu klären, wie das Gleichgewicht zwischen R und R' durch das Hinzugeben von Lactose im Außenmedium verändert wird. Dort darf keine Glucose vorhanden sein, da sie bevorzugt aufgenommen würde.

Abb. 4.22.1
Holzmodell des Lac-Operons
blau: Promotor; rot: Operator; gelb: Gen

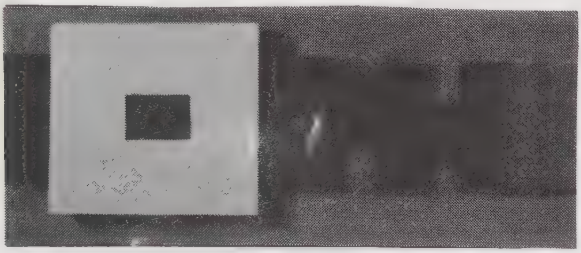


Abb. 4.22.2
Holzmodell zur Transkription des Lac-Operons
Falls kein Repressor am Operator gebunden ist, kann die Polymerase das Gen transkribieren.
blau: Promotor; rot: Operator; gelb: Gen; weiß: RNA-Polymerase

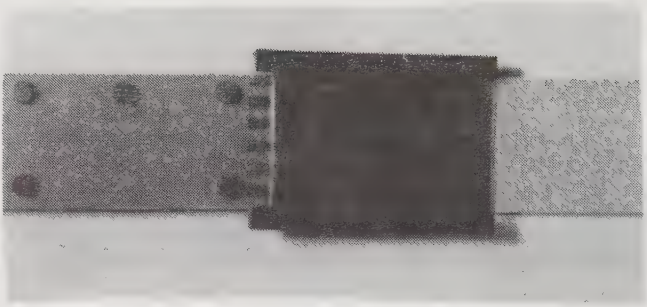


Abb. 4.22.3
Holzmodell zur Regulation des Lac-Operons - Blockade durch R
Die Affinität zwischen R und Operator ist hoch. Demzufolge bleibt der Operator über einen längeren Zeitraum blockiert.
blau: Promotor; rot: Operator; schwarz: R; gelb: Gen

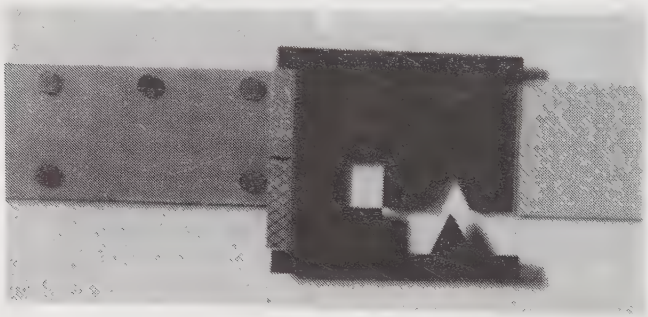


Abb. 4.22.4
Holzmodell zur Regulation des Lac-Operons - Blockade durch R´
Lactose stabilisiert diese Repressorkonformation.
Aufgrund der geringen Affinität von R´ zum Operator, dissoziiert er kurze Zeit später wieder.
blau: Promotor; rot: Operator; schwarz: R´; orange: Lactose; gelb: Gen

● Didaktisch-methodische Hinweise:

Für alle Holzmodelle zur Genregulation gilt bezüglich des Unterrichteinsatzes folgendes:

- Sie können als Einführung in die Genregulation dienen. Bekannt ist, daß den Genen Promotoren vorgelagert sind. Betont werden muß, daß das für eine Regulation der Transkription nicht ausreicht. Zwischen Promotor und Genanfang muß sich ein Sequenzbereich befinden, der eine Blockade der Transkription ermöglicht. Diese Region wird Operator genannt. Er bewirkt jedoch nicht allein die Blockade.
  Damit ist eine Brücke zu den Repressoren geschlagen.
  Die Modelle verdeutlichen die Funktionen und Bedeutungen von Repressoren, Operatoren und Promotoren.
  Die genauen Abläufe könnten dann mit Hilfe von Simulationen erarbeitet werden.
- Die Genregulation wird ausschließlich mit Hilfe dieser Modelle vermittelt.
- Die Modelle werden zur Überprüfung und Wiederholung der in den Computer-Simulationen dargestellten Abläufe verwendet. Das schließt nicht aus, daß auch die Grundbegriffe hiermit erläutert werden können.

Im Unterrichtseinsatz wird das Modell in einem Grundkurs alternativ zur Computer-Simulation und in einem Leistungskurs additiv dazu verwendet.
In beiden Kursen werden mit dem Modell die Bedingungen dieser Regulationsart erläutert. Im Grundkurs dient es zudem zur Darstellung des Regulationverlaufes.
Die in einem Unterrichtsgespräch gewonnenen Überlegungen werden an der Tafel demonstriert. Die Resultate werden tabellarisch notiert (s. Abb. 4.20).

Lernziele s. Computer-Simulation I

4.5.2. NEGATIVE KONTROLLE IM ANABOLISCHEN STOFFWECHSELS

Sachanalyse:

Als Beispiel soll in diesem Fall das Tryptophan-Operon dienen. Dabei wird die Synthese der Aminosäure reguliert.
5 Enzyme katalysieren den Aufbau von Tryptophan aus Chorismat.
Auch hier liegt der Repressor wieder in 2 Konformationszuständen vor. Ist genügend Tryptophan vorhanden, liegt das Gleichgewicht auf der Seite des Repressors mit der höheren Affinität zum Operator (= R). Da der Operator dann fast ständig blockiert ist, kann keine Transkription stattfinden. Aufgrund der höheren Affinität bleibt R länger am Operator gebunden als R´. Der Konformationszustand von R wird durch die Bindung an Tryptophan stabilisiert.
Wird Tryptophan benötigt, verändert sich das Gleichgewicht zugunsten von R´. Anschaulich beschrieben: Alles Tryptophan, das in der Zelle vorhanden war, ist verbraucht, auch die Moleküle, die den Konformationszustand von R stabilisiert haben. Dadurch verändert sich das Gleichgewicht.
In Abwesenheit von Tryptophan liegt sehr viel R´ vor. Der Operator wird dann nicht mehr so oft blockiert, die Transkription kann stattfinden.
Nimmt in der Zelle die Anzahl von Tryptophanmolekülen wieder zu, ändert sich das Gleichgewicht zugunsten von R.

1. Computer-Simulation

● Darstellung:

Die Simulation wurde analog zur Computer-Simulation I entwickelt (s. Kapitel 4.5.1.).
Im folgenden werden nur die Fakten erläutert, die speziell für diesen Regulationsmechanismus von Bedeutung sind:
Der Verbrauch von Tryptophan kann durch Drücken der Taste "T" simuliert werden.
Die Gleichgewichtszustände liegen bei:

- R : R´ = 9 : 1 => genügend Tryptophan vorhanden (s. Abb. 4.23.1).
- R : R´ = 1 : 9 => Tryptophan wird benötigt (s. Abb. 4.23.2).

Beim Programmstart liegt Tryptophanmangel vor. Ab dem 10. Assoziations-Dissoziationsvorgang verschiebt sich das Gleichgewicht langsam zugunsten von R : Allmählich ist eine ausreichende Menge an Tryptophanmolekülen vorhanden.

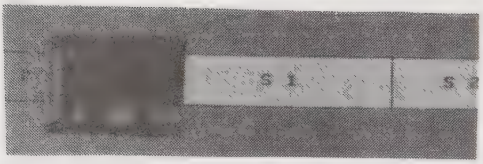


Abb. 4.23.1
Computer-Simulation zur Regulation des Trp-Operons - Blockade durch R´
Solange Tryptophan benötigt wird, liegt das Gleichgewicht bei R´ (schwarz). Aufgrund der geringen Affinität zum Operator kann die Transkription in dem Zeitraum, der zwischen Dissoziation und Assoziation liegt, stattfinden.
Im Bild ist R´ am Operator gebunden.
P: Promotor; O: Operator; S 1: Strukturgen 1; S 2: Strukturgen 2

Abb. 4.23.2
Computer-Simulation zur Regulation des Trp-Operons - Blockade durch R
Liegt zuviel Tryptophan vor, so stabilisiert die Aminosäure den Repressorzustand R (schwarz) und bedingt so eine Gleichgewichtsverschiebung. Durch die hohe Affinität zum Operator wird die Transkription verhindert.
Die Aminosäure ist am linken Rand des Repressors angedeutet.
P: Promotor; O: Operator; S 1: Strukturgen 1; S 2: Strukturgen 2

● Didaktsch-methodische Hinweise:

Beim ersten Durchgang sollen die Steuerungsmöglichkeiten nicht genutzt werden.
Die Lösung der Beobachtungsaufgaben:
1. Wie oft kommt jede Repressorkonformation vor ? und
2. Welcher Repressorzustand bindet länger am Operator ?
wird in einer Tabelle zusammengefaßt (s. Abb. 4.24).

Tryptophan-Menge	R	R´	Interpretation
gering	sehr wenig (1x)	viel (9x)	Operator wird selten blockiert => Transkription findet statt
viel	viel (9x)	sehr wenig (1x)	Blockade des Operators => so gut wie keine Transkription

Abb. 4.24
Tafelskizze zur Regulation des Trp-Operons
R : Repressor mit hoher Affinität zum Operator
R´: Repressor mit geringer Affinität zum Operator

● Lernziele:

Die Schüler sollen:
- verstehen, welchen Sinn die Regulation des Trp-Operons hat.
- erkennen, wie sich Tryptophanmangel auf die Transkription des Operons auswirkt.
- erklären, wie Tryptophanüberschuß das Gleichgewicht der Repressorkonformationen beeinflußt.
- die Affinität der Repressorzustände mit der Blockade der Transkription in Verbindung bringen.

2. Holzmodell

● Darstellung des Modells:

Das Modell ist als Tafeldemonstration gedacht.
Die Darstellung ist analog zum Lac-Regulationsmodell entwickelt.
Ist die Aminosäure in geringer Konzentration vorhanden, so blockiert R´ den Operator immer wieder für kurze Zeiträume (s. Abb. 4.25.1).
Das Tryptophan bindet an den Repressor mit der höheren Affinität (s. Abb. 4.25.2). Damit ist die Transkription bei Tryptophanüberschuß blockiert.

Abb. 4.25.1
Holzmodell zur Regulation des Trp-Operons - Blockade durch R´
Solange Tryptophan benötigt wird, liegt das Gleichgewicht bei R´. Aufgrund der geringen Affinität zum Operator kann die Transkription in dem Zeitraum , der zwischen Dissoziation und Assoziation liegt, stattfinden.
Im Bild ist R´ am Operator gebunden.
blau: Promotor; rot: Operator; schwarz: R´; gelb: Gen

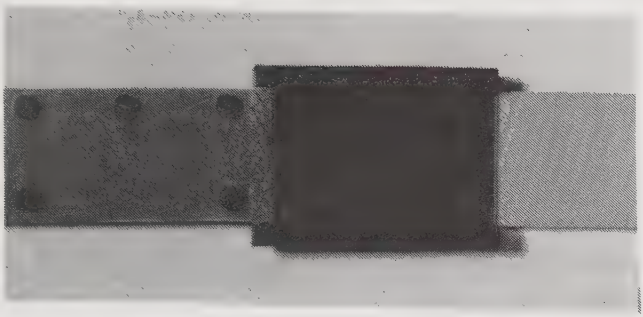


Abb. 4.25.2
Holzmodell zur Regulation des Trp-Operons - Blockade durch R
Liegt zuviel Tryptophan vor, so stabilisiert die Aminosäure den Repressorzustand R und bedingt so eine Gleichgewichtsverschiebung. Durch die hohe Affinität zum Operator wird die Transkription verhindert.
blau: Promotor; rot: Operator; schwarz: R; orange: Tryptophan
gelb: Gen

● Didaktisch-methodische Hinweise:

Während der Lehrer das Modell zur Regulation des Lac-Operons an der Tafel demonstriert, sollen bei diesem Modell die Schüler aktiv werden und die Modellbestandteile des Trp-Operons an der Tafel in der richtigen Reihenfolge anordnen. Anschließend wird der Regulationsmechanismus diskutiert und demonstriert.
In einer Tabelle werden die wichtigsten Ergebnisse zusammengefaßt (s. Abb. 4.24).

Lernziele s. Computer-Simulation zur Regulation des Trp-Operons.

4.5.3. POSITIVE KONTROLLE IM KATABOLISCHEN STOFFWECHSEL

❖ Sachanalyse:

Das Arabinose-Operon soll als Beispiel dienen. Zur besseren Verwendbarkeit kann der Zucker Arabinose in Xylulose-5-phosphat umgewandelt werden. Der Abbau eines C6- in einen C 5-Körper wird von 3 Enzymen katalysiert:

- eine Isomerase: Sie bewirkt ein Abbau der L-Arabinose zu L-Ribulose.
- eine Kinase: Sie katalysiert die Phosphorylierung der Ribulose zu L-Ribulose-5-phosphat.
- eine Epimerase: Sie besorgt die Umwandlung in D-Xylulose-5-phosphat.

Waren bei den bisher dargestellten Beispielen die Gene, die die Enzyme kodierten, in der Reihenfolge so angeordnet wie sie für die Reaktionen benötigt wurden, so ist dieses hier anders: An erster Stelle steht das Gen, das die Kinase kodiert, dann folgen die Gene für die Isomerase und die Epimerase. Zwei weitere Strukturgene folgen. Sie kodieren für 2 Proteine, die die Aufnahme des Zuckers in das Zellinnere steuern (ähnlich beim Lactose-Operon).

In Anwesenheit von L-Arabinose im Kulturmedium wird die Transkription nicht nur ermöglicht, sondern die Transkriptionsrate wird sogar erhöht. Die 2 Konformationszustände des Regulatorgenprodukts werden in diesem Fall als Repressor und Aktivator bezeichnet. Die Affinität beider Proteine zum Operator ist etwa gleich hoch, ihre Assoziations- und Dissoziationsrate beinahe gleich.

Ist im Kulturmedium keine Arabinose vorhanden, so liegt das Gleichgewicht auf der Seite des Repressors (= R). Es findet so gut wie keine Transkription statt.

Wird der Zucker hinzugegeben, verschiebt das Gleichgewicht sich zugunsten des Aktivators (= A): Der Aktivatorzustand wird durch die Anlagerung von Arabinose stabilisiert. Er hat keine tetramere Struktur wie der Repressor und bindet zusammen mit einem cAMP-CAP-Komplex (cAMP = zyklisches Adenosin-Mono-Phosphat; CAP = catabolite activator protein) an den Promotor. Dadurch wird die Bindung der RNA-Polymerase an diese Stelle erleichtert. Eine Erhöhung der Transkriptionsrate ist die Folge.

1. Computer-Simulation

● Darstellung:

Die Simulation wurde analog zur Computer-Simulation I entwickelt (s. Kapitel 4.5.1.).
Im folgenden wird nur das erläutert, was speziell für diesen Regulationsmechanismus von Bedeutung ist:
Durch Drücken der Taste "A" kann Arabinose hinzugefügt werden.
Ohne Betätigung der "A"-Taste simuliert der Rechner bei den ersten 10 Assoziationen /Dissoziationen von Repressoren und Aktivatoren (R : A = 9 : 1) die Bedingungen, die in Abwesenheit von Arabinose gelten (s. Abb. 4.26.1).
Bei Zugabe von Arabinose verändert sich das Gleichgewicht allmählich zugunsten des Aktivators, bis das Zahlenverhältnis umgekehrt ist (R : A = 1 : 9 - s. Abb. 4.26.2).
Wurde bei den vorherigen Modellen nur die Entstehung einer mRNA angedeutet, so werden hier zwei mRNAs synthetisiert, um so die Steigerung der Transkriptionsrate anzudeuten.
Der Aktivator ist im Modell der Form nach sehr gut der DNA angepaßt, so daß auch räumlich keine Blockade mehr besteht. An ihn ist die Arabinose gebunden. Sie ist durch ein doppeltes Zickzackmuster symbolisiert (s. Abb. 4.26.2).
Der cAMP-CAP-Komplex wird in der Simulation nicht dargestellt.

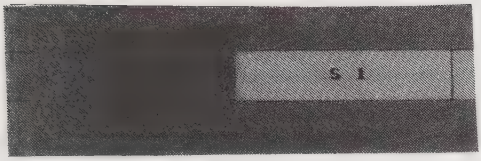


Abb. 4.26.1
Computer-Simulation zur Regulation des Ara-Operons - Blockade durch R
In Abwesenheit von Arabinose wird die Transkription blokkiert. Das Gleichgewicht ist zugunsten des Repressors (schwarz) verschoben.
Im Bild ist der Repressor an den Operator gebunden.
P: Promotor; O: Operator; S 1: Strukturgen 1; S 2: Strukturgen 2

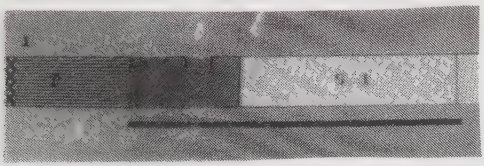


Abb. 4.26.2
Computer-Simulation zur Regulation des Ara-Operons - Aktivierung
Ist Arabinose in der Zelle vorhanden, so bindet sie sich an den Aktivator und verschiebt das Gleichgewicht zu seinen Gunsten (Aktivator - schwarz gestreift). Der Aktivator bindet sich dann an den Promotor und erleichtert die Anlagerung der RNA-Polymerase, was eine erhöhte Transkiptionsrate zur Folge hat.
Die Transkription ist durch den schwarzen Balken (= mRNA) angedeutet.
Auf der linken Seite des Aktivators ist Arabinose durch ein doppeltes Zickzackmuster symbolisiert.
P: Promotor; O: Operator; S 1: Strukturgen 1; S 2: Strukturgen 2

● Didaktisch-methodische Hinweise:

Die Steuerungsmöglichkeiten werden beim ersten Durchlauf nicht genutzt.

Die Schüler bekommen drei Beobachtungsaufgaben:

1. Wie oft kommt jede Konformation vor ?
2. Wo bindet und was bewirkt welche Konformation ?
3. Welche Unterschiede bestehen zu den bisherigen Simulationen bzw. Modellen ?

Die Ergebnisse werden in einer Tabelle (s. Abb. 4.27) zusammengefaßt.

Arabinose-Menge	R (->Operator)	A (->Promotor)	Interpretation
gering	viel (9x)	sehr wenig (1x)	Blockade des Operators => so gut wie keine Transkription
viel	sehr wenig (1x)	viel (9x)	´Aktivierung´ des Promotors => Steigerung der Transkriptionsrate

Abb. 4.27
Tafelskizze zur Regulation des Ara-Operons
R : Repressor mit hoher Affinität zum Operator
A : Aktivator mit hoher Affinität zum Promotor

● Lernziele:

Die Schüler sollen:

- erkennen, welchen Sinn die Regulation des Ara-Operons hat.
- erkennen, daß bei Arabinosemangel der Verlauf analog zu dem des Lac-Operons ist.
- die Bindung des Aktivators an den Promotor zur Kenntnis nehmen und dessen Bedeutung dort anhand der entstehenden mRNA-Anzahl als Steigerung der Transkriptionsrate interpretieren.
- erklären, warum die beiden Konformationszustände eines Proteins einmal als Repressor und zum anderen als Aktivator bezeichnet werden.
- erkennen, daß sich Arabinose an den Aktivator bindet und dessen Zustand stabilisiert.
- den Unterschied zwischen negativer und positiver Kontrolle erklären.

2. Holzmodell

Darstellung:

Das Modell wird an der Tafel demonstriert.
Die Arabinose kann mittels Magnet am Aktivator befestigt werden (vgl. Abb. 4.28.2).
Ein weiterer breiter Magnetstreifen am Aktivator soll die erleichterte Anlagerung der RNA-Polymerase andeuten (der Promotor hat nur 5 kleine Magnetstücke). Die höheren Bindungskräfte zwischen Aktivator und Enzym bedingen eine häufigere Transkriptionsrate.
Die Farbe von Aktivator und Repressor ist gleich gewählt, um auf die gemeinsame Herkunft hinzuweisen.
In Abwesenheit von Arabinose verhindert der Repressor die Transkription (s. Abb. 4.28.1).

Alle weiteren Einzelheiten entsprechen der Computer-Simulation.

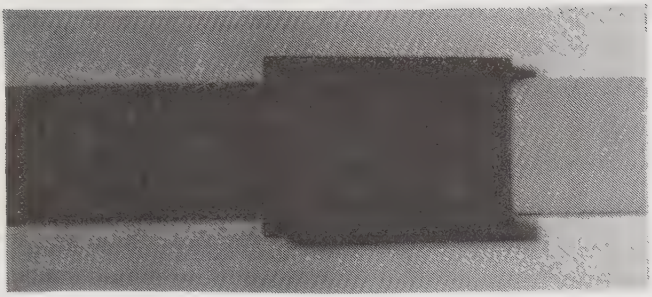


Abb. 4.28.1
Holzmodell zur Regulation des Ara-Operons - Blockade durch R
In Abwesenheit von Arabinose ist das Gleichgewicht zugunsten des Repressors verschoben. Er lagert sich am Operator an und blockiert so die Transkription.
blau: Promotor; rot: Operator; schwarz: R; gelb: Gen

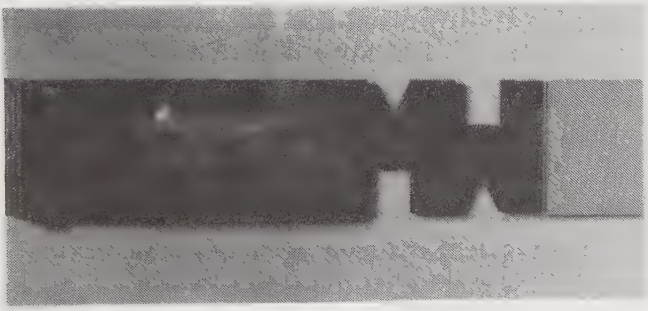


Abb. 4.28.2
Holzmodell zur Regulation des Ara-Operons - Aktivierung
Bei Zugabe von Arabinose lagert sie sich an den Aktivator an und bedingt so eine Gleichgewichtsverschiebung zu seinen Gunsten.
Der Komplex bindet an den Promotor und erleichtert die Anlagerung der RNA-Polymerase, da die Magnetflache des Aktivators wesentlich größer ist als die des Promotors ! (vgl. Abb. 4.28.1). Damit wird die Transkriptionsrate erhöht.
blau: Promotor; rot: Operator; schwarz: Aktivator; orange: Arabinose; gelb: Gen

* Didaktisch-methodische Hinweise:

Ein Schüler soll in Analogie zum Regulationsmodell des Lac-Operons die Modellteile (ohne Aktivator) an der Tafel anordnen und erklären, wie die Regulation in Abwesenheit von Arabinose erfolgt.
Der Lehrer demonstriert die Bindung des Aktivators an den Promotor.
In einem Gespräch wird die Funktion des Aktivators erörtert, und es werden Unterschiede zu bekannten Regulationsmechanismen genannt.
Die Ergebnisse werden in einer Tabelle (s. Abb. 4.27)zusammengefaßt.

Lernziele s. Computer-Simulation zur Regulation des Ara-Operons.

5. ERPROBUNG IM UNTERRICHT

5.1. DNA ALS GENETISCHES MATERIAL

● Sachanalyse:

Folgende ´Grundfragen´ sollen geklärt werden:

a) Wie wird die genetische Information gespeichert ?

b) Was wird genetisch gespeichert ?

c) Wie wird die genetische Information von Generation zu Generation weitergegeben ?

▶ Speicherung der genetischen Information:

> DNA als Träger der Erbinformationen:

Verfolgt man die erste Frage geschichtlich, so war GRIFFITH einer der ersten, der auf verwertbare Resultate stieß.

Er arbeitete mit 2 Stämmen des Pneumonie-Erregers Pneumococcus. Die Injektion des Wildtyp-Stamms in Mäuse bewirkte deren Tod. Im Gegensatz dazu war der mutierte Stamm harmlos. Schon äußerlich ist ein Unterschied sichtbar: die Mutanten können keine Kapsel bilden. GRIFFITH tötete Bakterien des Wildtyps durch Abkochen und stellte fest, daß sie harmlos geworden waren. Dann vermischte er die abgetöteten Bakterien des Wildtyps mit lebenden Mutanten und injezierte das Gemisch wiederum Mäusen. Obwohl jeder Bestandteil für sich unschädlich war, starben die Tiere.

OSWALD AVERY fand in den 40 er Jahren die Erklärung zu diesem Experiment. Er isolierte die DNA aus den Wildtyp-Zellen und gab diese zu lebenden Mutanten hinzu. Tatsächlich wurden diese dann virulent.

Ein weiterer Beweis, daß DNA Träger der Erbinformation ist, gelang A.D. HERSHEY und M. CHASE. Sie markierten einmal die Hülle des Virus T 2 radioaktiv (sie verwendeten das Schwefelisotop ^{35}S) und zum anderen die DNA des Virus (Markierung durch ^{32}P) und stellten fest, daß bei der Infektion von Bakterien die Virushülle auf der Oberfläche zurückbleibt und die DNA in die Zelle eindringt (vgl. Abb. 5.1).
Da Viren auf die "Proteinsyntheseapparatur" (KNIPPERS,1982, S. 27) der Bakterien angewiesen sind, müssen sie zur Vermehrung ihre Erbinformation in die Bakterienzelle transportieren.
Die DNA beinhaltet also die Erbinformation.

> DNA-Aufbau:
Darstellung s. Kapitel 4.1.1. und 4.1.2.

> Räumliche Struktur der DNA:
Der DNA-Doppelstrang ist rechtsdrehend aufgewunden (Doppelhelix).
Je nach Winkel, in dem sich komplementäre Basen zur Helixachse befinden, werden zwei Konformationen eingeteilt (vgl. Abb. 5.2):

- A-Konformation: 70 °; die Basenpaare sind aus der Helixachse herausgerückt; die Furchen sind gleich groß
- B-Konformation: 90 °; die Basenpaare liegen auf der Helixachse; man kann große und kleine Furchen unterscheiden.

Die A-Konformation stellt sich ein , wenn die Feuchtigkeit unter 75 Prozent (s. DICKERSON, 1984) liegt.

Die B-Konformation ist bei einer Feuchtigkeit von 92 Prozent stabil.
Variationen "im Helix-Dreh- und Basen-Rollwinkel" (DICKERSON, 1984, S. 87) spielen eine wichtige Rolle für die Regulation der Transkription.

> Größe von DNA-Molekülen:

- Bakteriophage T 4: 180 000 Basenpaare;
  Länge: ca. 61 µm
  (KNIPPERS, 1982)
- E. coli : 4 000 000 Basenpaare;
  Länge: ca. 1.36 mm
- Mensch : 2 900 000 000 Basenpaare;
  Länge: ca. 1 m

Eine Buchseite enthält ca. 1500 Buchstaben. Kürzt man jede Base mit einem Buchstaben ab und druckte die Buchstabenfolge der E. coli-DNA auf Buchseiten, so benötigte man 2700 Buchseiten. Das "DNA-Molekül besitzt ein Länge von 1.36 mm und eine Dicke von 2 Millionstel mm" (KAUDEWITZ, 1983, S. 112).
Der haploide Chromosomensatz in einem menschlichen Spermienkopf enthält bis zu 25 % DNA, der Rest besteht aus Proteinen. Extrahierte man von jedem Menschen der Welt (ca. 4 Milliarden) die DNA eines Spermienkopfes, so hätte die gesamte DNA in 1.5 Stecknadelköpfen Platz (alle Zahlenangaben sind KAUDEWITZ, 1983 entnommen).

▶ Der Genbegriff:

Die Erbinformation enthält Baupläne für funktionelle und strukturelle Proteine und für t- und rRNAs:

- funktionelle Proteine: z.B. Enzyme des Zellstoffwechsels, der Verdauung, Schutzproteine (z.B. Antikörper)
- strukturelle Proteine: Skleroproteine (z.B. Keratin, Collagen)
- tRNA: wichtig für die Umsetzung (= Translation) der genetischen Information in Proteine (s.u.)
- rRNA: Bestandteile von Ribosomen (s.u.)

Ein Gen bezeichnet eine Einheit der DNA, die entweder ein Protein oder t- bzw. rRNA kodiert. Ein Gen, das ein Protein kodiert, enthält im Durchschnitt 1000 Nukleotiden (KNIPPERS 1982, S. 66). Die Anzahl der Gene wird bei Säugetieren auf 20 000 - 100 000 geschätzt (a.o.O.).

▶ Weitergabe der genetischen Information:

> Replikationsmechanismen:

Es sind drei Replikationsmechanismen denkbar:

- Die beiden Parentalstränge werden zwar als "Kopiervorlage" benutzt, bleiben jedoch zusammen.
  = konservativer Replikationsmechanismus
- Jeweils ein Parentalstrang dient einer Strangneubildung als Vorlage. Vorlage und Neubildung bilden einen Doppelstrang.
  = semikonservativer Replikationsmechanismus
- Die beiden Parentalstränge werden gleichmäßig auf die Tochterstränge verteilt.
  = disperser Replikationsmechanismus

Endgültige Klärung verschaffte erst 1958 das Experiment von MESELSON und STAHL (vgl. Abb. 5.3).

Das Prinzip einer Gleichgewicht-Dichtegradientenzentrifugation beruht auf der "Tatsache, daß Lösungen spezifisch schwerer, kleinmolekularer Stoffe bei der Zentrifugation ein Konzentrationsgefälle (einen Dichtegradienten) ausbilden" (KLAMPT/HEITMANN 1979, S. 36).

Dabei lagern sich die Teilchen mit hoher Dichte in Bodennähe ab. Zur Lösungsoberfläche hin nimmt die Dichte der abgelagerten Teilchen, bei ausreichend langer Zentrifugation, linear ab. Da die Dichte zu untersuchender Substanzen sehr verschieden ist, ist die Ausgangskonzentration und Zentrifugalbeschleunigung entscheidend.

In einer Cäsiumchlorid-Lösung bilden sich bei einer Verwendung von DNA als Substrat gut identifizierbare Banden aus. Der Gradient wird dann durch Messung der UV-Absorption analysiert.

MESELSON und STAHL benutzten dieses Prinzip für die Klärung des Replikationsmechanismus': Sie boten Bakterien als einzige Stickstoffquelle NH_4Cl an. Bei der Verdopplung der DNA wird ^{15}N statt ^{14}N eingebaut. Das Cäsiumsalz der ^{15}N-DNA besitzt eine um 0.014 g/ml größere Dichte als das Salz der ^{14}N-DNA. Nach 14 Generationen überführten sie die Bakterien wieder in ein $^{14}NH_4$-Medium. Sie entnahmen in kurzen Zeitabständen Proben und verglichen die Dichtegradienten.

Resultate (vgl. Abb. 5.3):

- Nach der ersten Generation lag die Bande etwas höher als in der Kontrollgruppe.
- Nach der zweiten Generation tritt eine zweite neue Bande auf, die höher als die der ersten Generation ist.

Interpretation:

- Eine Hybrid-DNA hat sich gebildet. Sie besteht zu jeweils 50 % aus ^{14}N- und ^{15}N-DNA.
- Die zweite neue Bande besteht aus ^{14}N-DNA.

Die DNA verdoppelt sich nach dem semikonservativen Replikationsmechanismus.

> Struktur der RNA:

Die Nukleotide enthalten als Zucker die Ribose.
Statt Thymin findet sich Uracil als Base.
Sogenannte seltene Nukleotide können vorkommen. Ursache ist meist eine Veränderung der Base.

> Ablauf der Replikation:

Darstellung s. Kapitel 4.1.3.

> Ablauf der Replikation bei Pro- und Eukaryoten:

Prokaryoten (vgl. Abb. 5.4):

- Es gibt nur einen Replikationsstartpunkt (= origin).
- Die Replikation verläuft bidirektional.
- Folgerung: Eine Steigerung der Syntheserate kann nur über eine häufigere Initiation der Replikation bewirkt werden.
- Dauer: bei 37 °C 40 Minuten (E. coli)

Eukaryoten (vgl. Abb. 5.5):

- Es gibt mehrere Replikationsstartpunkte.
- Die Replikation verläuft bidirektional.
- Folgerung: Eine Steigerung der Syntheserate wird durch die Anzahl vorhandener origins bewirkt.
- Dauer: ca. 18 Stunden

◆ Didaktisch-methodische Hinweise:

▶ Speicherung der genetischen Information:

> DNA als Träger der Erbinformation:

Die Versuche von GRIFFITH und AVERY sind den Schülern bekannt.

Das Experiment von HERSHEY und CHASE wird anhand einer Folie erarbeitet (s. Abb. 5.1). Zuerst wird sie ohne Beschriftung projiziert. Die Schüler sollen das Experiment beschreiben, die Resultate wiedergeben und interpretieren.

> DNA-Aufbau:

Der DNA-Aufbau wird anhand eines Modells (s. Kapitel 4.1.1.) erarbeitet.

Eine Modelldemonstration soll auf die besondere Eigenschaft der Nukleosid-Triphosphate hinweisen (s. Kapitel 4.1.2.).

> Räumliche Struktur der DNA:

Eine Folie (s. Abb. 5.2) dient zur Erarbeitung der beiden DNA-Konformationen.

> Größe von DNA-Molekülen:

In einem kurzen Vortrag gibt der Lehrer einige Beispiele zur Größe von DNA-Molekülen (s.o.).

▶ Der Genbegriff:

In einem Gespräch wird der Genbegriff erläutert. Der Lehrer ergänzt die Bedeutung der t- bzw. rRNA und ordnet beide RNA-Arten dem Genbegriff zu.

▶ Weitergabe der genetischen Information:

> Replikationsmechanismen:

Der Lehrer stellt an der Tafel die beiden DNA-Stränge durch zwei senkrechte Striche dar, die in unterschiedlichen Farben gezeichnet werden. Schüler sollen verschiedene Verdopplungsmöglichkeiten grafisch andeuten.

Auf einem Arbeitsblatt (s. Abb. 5.3) ist das Experiment von MESELSON und STAHL dargestellt. Die Schüler sollen den Verlauf des Experimentes beschreiben und die Versuchsergebnisse interpretieren. Die Resultate werden an der Tafel festgehalten.

> Struktur der RNA:

In einem kurzen Vortrag weist der Lehrer auf die Besonderheiten hin.

> Ablauf der Replikation:

Ein Grundkurs benutzt als Medium die Folien , der andere Grundkurs die Computer-Simulation. Der Leistungskurs arbeitet mit beiden Medien (s. Kapitel 4.1.3.).

> Ablauf der Replikation bei Pro- und Eukaryoten:

Anhand von zwei Folien (s. Abb. 5.4 und 5.5) sollen die Schüler die Unterschiede von pro- und eukaryotischen Replikationsabläufen erarbeiten. Der Lehrer ergänzt die Ergebnisse.

Lernziele:

Die Schüler sollen:

- die Experimente von AVERY und HERSHEY/CHASE darstellen und interpretieren.
- die DNA-Bausteine benennen, deren einzelne Komponenten und deren Bindungen angeben.
- die beiden DNA-Konformationen unterscheiden.
- einen ungefähren Eindruck von der Größe verschiedener DNA-Moleküle haben.
- die drei möglichen Replikationsmechanismen und das ausschlaggebende Experimenet von MESELSON/STAHL darstellen und erläutern.
- die Unterschiede zwischen DNA und RNA benennen.
- einsehen, daß die Replikation bei Pro- und Eukaryoten unterschiedlich abläuft.

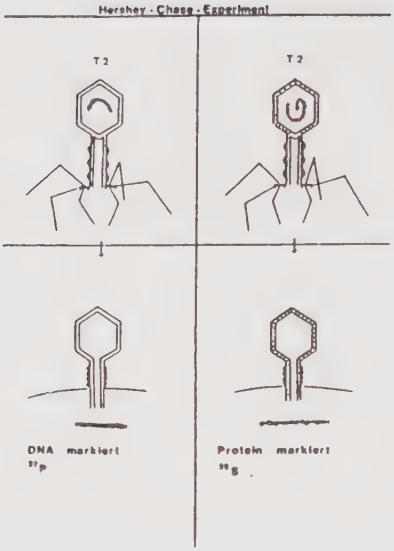


Abb. 5.1
Das Experiment von HERSHEY und CHASE
Die beiden Forscher verwendeten zur Kennzeichnung der DNA Phosphor- und zur Markierung der Virushülle (Hauptbestandteil: Proteine) Schwefelisotope und untersuchten, was bei einer Infektion in das Zellinnere eines Bakteriums gelangte: die Virushülle blieb außen, die DNA gelangte in die Zelle.

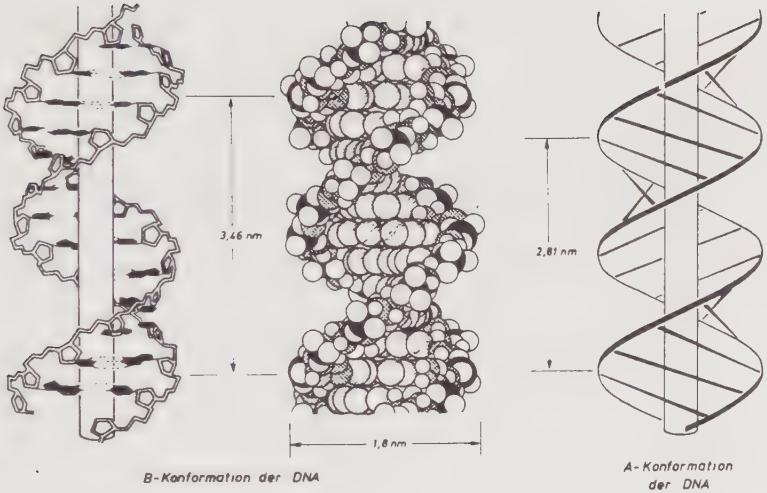


Abb. 5.2
Die räumliche Struktur der DNA - modellhafte Darstellung
(aus: KLAMBT/HEITMANN 1979, S. 27)

Experiment von MESELSON und STAHL

M. MESELSON und F.W. STAHL züchteten E.coli-Zellen in einem Minimalmedium, das statt gewöhnlicher Stickstoffsalze ein modifiziertes Ammoniumchlorid enthielt. Die Modifizierung bestand darin, daß in diesem Salz das schwere Stickstoffisotop ^{15}N vorlag.
Das Isotop wurde nun bei der Vermehrung der Bakterien in deren DNA eingebaut, so daß 'schwere' DNA entstand.
Nachdem nur noch E.coli-Zellen mit 'schwerer' DNA vorhanden waren, wurden sie in ein 'leichtes' ^{14}N-haltiges Medium überführt.

Vor dem Medienwechsel und in bestimmten Zeitintervallen nachher wurden Proben entnommen und im Caesiumchlorid-Dichtegradienten zentrifugiert.
Das Ergebnis waren unterschiedliche Banden, je nach Auftriebsdichte der DNA:

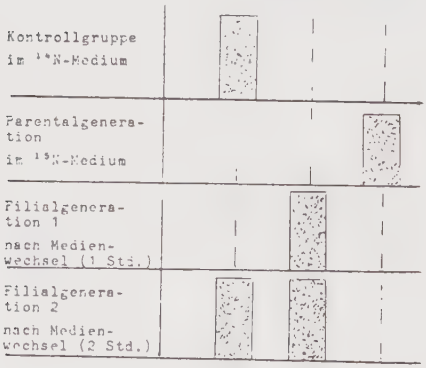


Abb. 5.3
Beschreibung des Experimentes von MESELSON und STAHL

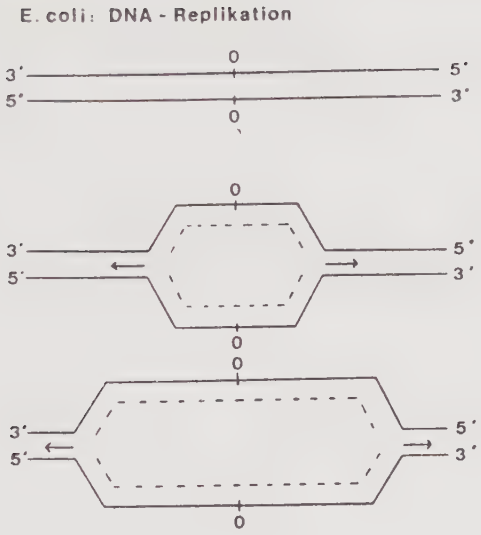


Abb. 5.4
Schematische Darstellung der DNA-Replikation bei E. coli
Die origins sind mit "O" gekennzeichnet.
Die beiden durchgezogenen Linien stellen den parentalen DNA-Doppelstrang dar. Die gestrichelten Linien deuten die wachsenden, neu-synthetisierten DNA-Einzelstränge an.
Pfeile zeigen die Richtung der Replikation an.
(verändert nach: KNIPPERS 1982, S. 86)

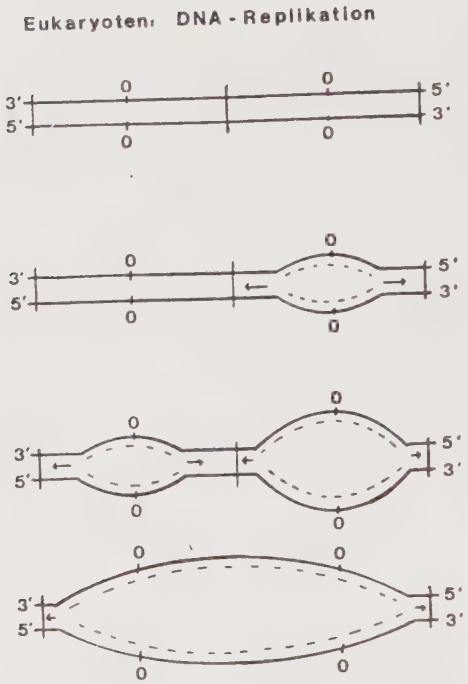


Abb. 5.5
Schematische Darstellung der Replikation bei Eukaryoten
Die origins sind mit "O" gekennzeichnet.
Die beiden durchgezogenen Linien stellen den parentalen DNA-Doppelstrang dar. Die gestrichelten Linien deuten die wachsenden, neu-synthetisierten DNA-Einzelstränge an.
Pfeile zeigen die Richtung der Replikation an.
(verändert nach: HUBERMAN/RIGGS, J. Mol. Biol. 32, 1968, S. 327)

5.2 TRANSKRIPTION

s. Kapitel 4.2.

5.3. TRANSLATION

● Sachanalyse:

Vor der Darstellung des Translationsablaufes müssen die daran beteiligten Strukturen analysiert werden.

▶ Proteinstruktur:
Proteine bestehen aus 50 - 1000 Aminosäuren (nach: KLÄMBT/ HEITMANN 1979, S. 85).

> Aminosäuren:
20 verschiedene Aminosäuren sind bekannt (vgl. Abb. 5.6). Sie sind durch eine COOH- und eine NH_2-Gruppe (Carboxyl- und Aminogruppe) charakterisiert. Der Rest ist für jede einzelne Aminosäure spezifisch.
Das C-Atom, an dem die Aminogruppe gebunden ist, ist asymmetrisch substituiert, d.h. es ist mit vier verschiedenen Substituenten bestückt (Ausnahme: Glycin). Damit ist die Voraussetzung für eine beobachtbare optische Aktivität gegeben (links- oder rechtsdrehend).
Alle natürlich vorkommenden Aminosäuren liegen in der L-Konfiguration vor (Standard: D- und L-Glycerinaldehyd), d.h. die Aminogruppe befindet sich auf der linken Seite des asymetrischen C-Atoms.
In wäßriger Lösung haben die Aminosäuren ein großes Dipolmoment (= Zwitterion): Sie können sich entweder wie eine Säure oder wie eine Base verhalten.

> Primärstruktur von Proteinen:

Aminosäuren können kovalent über Peptidbindungen zu langen Ketten verknüpft werden. Die so entstehende Folge von Aminosäuren wird als Primärstruktur bezeichnet. Sie charakterisiert die Proteinstruktur.

Benachbarte Aminosäureketten können durch kovalente oder Wasserstoffbrücken-Bindungen verbunden sein.

> Sekundärstruktur:

"Unter der Sekundärstruktur von Proteinen versteht man die symmetrische dreidimensionale Anordnung von Aminosäuresequenzen" (KNIPPERS 1982, S. 7).

Sie ist durch Wasserstoffbrücken-Bindungen zwischen N-H- und C=O-Gruppen charakterisiert. Liegen diese innerhalb einer Polypeptidkette vor, so entsteht eine α - Helix, werden zwei benachbarte Ketten so verbunden, wird das Gebilde als Faltblattstruktur bezeichnet (vgl. Abb. 5.7).

> Tertiärstruktur:

Viele Proteine weisen neben Sekundärstrukturierungen noch asymmetrische Strukturen auf. Diese bezeichnet man als Tertiärstrukturen (vgl. Abb. 5.8).

Es können kovalente, hydrophobe, Ionen- und Wasserstoffbrükken-Bindungen auftreten.

> Quartärstruktur:

"Als Quartärstruktur bezeichnet man einen Komplex aus mehreren assoziierten Proteinen" (KLAMBT/HEITMANN 1979, S. 89 - vgl. Abb. 5.9).

▶ Genetischer Code:

Die Basenfolge im DNA-Doppelstrang stellt die genetische Information dar.

Im folgenden soll nur auf die Kodierung der Proteine eingegangen werden (vgl. Definition - Kapitel 5.1.)

Es gibt 4 verschiedene Basen und 20 unterschiedliche Aminosäuren. Kombiniert man 2 Basen, so ergeben sich 16 Kodierungsmöglichkeiten. Bei der Kombination von 3 Basen sind 64 Basentripletts zur Kodierung von Aminosäuren möglich.

Die Diskrepanz zwischen vorhandenen Aminosäuren und bestehenden Kodierungsmöglichkeiten wird als "Degeneration des genetischen Codes" bezeichnet. Nur Methionin und Tryptophan werden von nur einem Triplett kodiert. Für alle anderen Aminosäuren gibt es mehrere Möglichkeiten:

- 2 Tripletts: Asparaginsäure, Glutaminsäure,Lysin, Asparagin, Glutamin, Histidin, Tyrosin, Cystein, Phenylalanin
- 3 Tripletts: Isoleucin
- 4 Tripletts: Threonin, Prolin, Alanin, Valin, Glycin
- 6 Tripletts: Arginin, Serin, Leucin

Der genetische Code ist nicht überlappend und kommafrei.

▶ tRNA:

An der gesamten RNA-Menge einer Zelle ist die tRNA mit 10 - 15 % beteiligt. Sie besteht aus ca. 80 Nukleotiden und dient als "Überträger" (engl. transfer: tRNA) von Aminosäuren.

Die tRNA ist das Bindeglied zwischen mRNA und Protein.

Charakteristisch ist das Vorkommen sogenannter seltenen Nukleotide (s. Kapitel 5.1.).

An das 3´-Ende jeder tRNA kann eine Aminosäure gebunden werden. Es gibt allerdings mehr als 20 verschiedene tRNAs.

Die Sekundärstruktur ähnelt einem Kleeblatt (vgl. Abb. 5.10).

Die Nukleotide sind wie folgt verteilt:

- ´Kleeblattstiel´ : 7 Nukleotidpaare
- Anticodonstamm : 5 Nukleotidpaare
- Pseudouridinstamm : 5 Nukleotidpaare
- Dihydrouridinstamm : variabel
- Anticodonschleife : 7 Nukleotide
- Pseudouridinschleife : 7 Nukleotide
- Dihydrouridinschleife: variabel

Zwischen Anticodon- und Pseudouridinschleife kann sich eine vierte Schleife ausbilden. Die drei mittelständigen Basen der Anticodonschleife sind zu einem bestimmten mRNA-Codon komplementär. Die Pseudouridinschleife ist für die Bindung an das Ribosom verantwortlich.

Eine perspektivische Zeichnung (s. Abb. 5.11) zeigt die dreidimensionale Struktur einer tRNA.

▶ Aktivierung von Aminosäuren:

Für jede Aminosäure gibt es ein spezifisches Enzym: eine Aminoacyl-tRNA-Synthetase. Sie katalysiert die Bindung zwischen einer tRNA und der dazugehörigen Aminosäure. Der Vorgang verläuft in zwei Schritten (vgl. Abb. 5.12):

1. Die Aminosäure wird unter Mitwirkung des Enzyms durch ATP aktiviert. Es entsteht ein Enzym-Aminoacyl-Adenosin-Monophosphat-Komplex.
2. Das Enzym katalysiert eine Esterbindung zwischen Aminoacyl-Rest und der 3´-OH-Gruppe des endständigen Adenosin-Rests der tRNA. Diese Reaktion ist für jede Synthetase spezifisch.

► Ribosomen:

Die Ribosomen bestehen zu ca. zwei Dritteln aus RNA, der Rest aus Proteinen. Die RNA wird entsprechend als ribosomale RNA (= rRNA) bezeichnet.

Jedes Ribosom wird von zwei Untereinheiten gebildet.

Der Sedimentationskoeffizient S beschreibt die Teilchendichte und dient somit zur Differenzierung (vgl. Abb. 5.13):

- Prokaryoten : kleinere Untereinheit = 30 S
  - 16 S rRNA
  - 21 Proteinmoleküle

  größere Untereinheit = 50 S
  - 23 S rRNA
  - 5 S rRNA
  - 32 Proteinmoleküle

  Ribosom gesamt = 70 S

  Ribosomen/Zelle : ca. 20 000
- Eukaryoten : kleinere Untereinheit = 40 S
  - 18 S rRNA
  - 29-32 Proteinmoleküle

  größere Untereinheit = 60 S
  - 5 S rRNA
  - 5.8 S rRNA
  - 28 S rRNA
  - 36-40 Proteinmoleküle

  Ribosom gesamt = 80 S

  Ribosomen/Zelle : ca. 1 000 000

Die Untereinheiten bilden nur für die Dauer der Translation ein komplettes Ribosom. Ansonsten liegen sie dissoziiert vor. Bei der Translation lagert sich die mRNA an die kleinere Untereinheit an.

Für die Aminoacyl-tRNAs gibt es an der größeren zwei Anlagerungsstellen: die P-(=Peptidyl-) und die A-(=Aminoacyl-) Stelle.
Die räumliche Anordnung eines bakteriellen Ribosoms wird in Abb. 5.14 dagestellt.

▶ Ablauf der Translation:
Darstellung s. Kapitel 4.3.

● Didaktisch-methodische Hinweise:

▶ Proteinstruktur:
Da von der "Stoffwechselphysiologie" (Jahrgangsstufe 11.2 oder 12.1) der Proteinaufbau bekannt ist, werden nur die wichtigsten Fakten anhand von Folien (s. Abb. 5.6 - 5.9) wiederholt.

▶ Genetischer Code:
Ausgangspunkt ist die Frage: Wie können 4 Basen 20 Aminosäuren kodieren ?
Verschiedene Ideen der Schüler werden diskutiert. Ergebnis ist eine Triplettrasterung.
Um die Bedeutung des Informationsstartpunktes hervorzuheben, schreibt der Lehrer einen Satz an die Tafel: "dietüristauf"
Davon ausgehend werden verschiedene Leseraster aufgestellt: "d iet üri sta uf" oder "di etü ris tau f" oder "die tür ist auf".
Nur die letzte Möglichkeit führt zu einem sinnvollen Ergebnis.
Mit Hilfe des Beispiels kann kurz auf Leseraster-Mutationen hingewiesen werden.

▶ tRNA:
Anhand einer Folie (s. Abb. 5.10) werden die Charakteristika von tRNAs ermittelt.

▶ Aktivierung von Aminosäuren:
Ein Arbeitsblatt soll die beiden Aktivierungsreaktionen verdeutlichen (s. Abb. 5.12).

▶ Ribosomen:
- Grundkurse: Der Lehrer erläutert den Aufbau der Ribosomen in einem kurzen Vortrag. Auf die verschiedenen rRNA-Arten und die Anzahl der Proteinmoleküle wird nicht eingegangen.
- Leistungskurs: In Gruppen zu 3 Schülern wird ein Arbeitsblatt analysiert und ausgewertet (s. Abb. 5.13).
  Als Ergebnis werden nicht nur die verschiedenen Dichten der Untereinheiten herausgearbeitet, sondern auch die unterschiedlichen rRNA-Bestandteile.

▶ Ablauf der Translation:
In einem Grundkurs wird nur das Modell, im anderen nur die Computer-Simulation eingesetzt (s. Kapitel 4.3.).
Der Leistungskurs arbeitet mit beiden Medien.

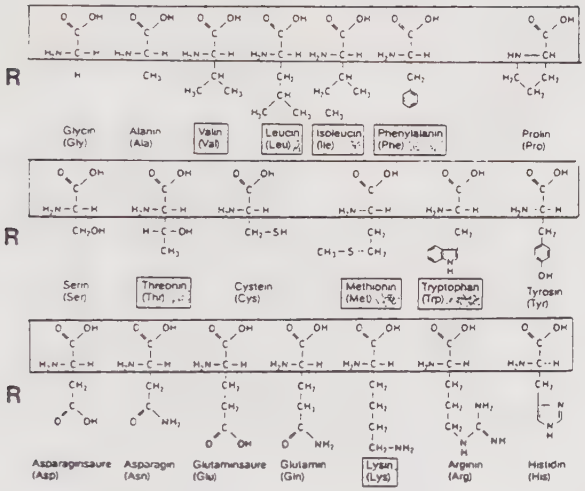
▶ Zusammenfassung der Proteinbiosynthese:
Der Gesamtablauf wird mit Hilfe eines "Daumenkinos" (s. Kapitel 4.4.) wiederholt.

● Lernziele:

Die Schüler sollen:

- verschiedene Proteinstrukturen voneinander differenzieren.
- die Charakteristika von tRNAs benennen.
- den Vorgang der Aminosäureaktivierung als eine zweistufige Reaktion verstehen lernen.
- den Zusammenhang zwischen dem Begriff ´Aktivierung´ und ATP-Verbrauch beschreiben.
- die Untereinheiten der Ribosomen differenziert beschreiben, die Zustandsformen ´assoziiert´ und ´dissoziiert´ unterscheiden und die Bedeutung beider Untereinheiten für die Translation erkennen.

AMINOSÄUREN:



Die 20 in Proteinen vorkommenden Aminosäuren

Hervorgehoben sind die essentiellen Aminosäuren, die der Mensch nicht synthetisieren kann.

Peptidbindung zwischen 2 Aminosäuren

Abb. 5.6
Übersicht über die 20 in Proteinen vorkommenden Aminosäuren (oben) und den Chemismus der Peptidbindung (unten) (verändert nach: FELS 1981, S. 104-105)

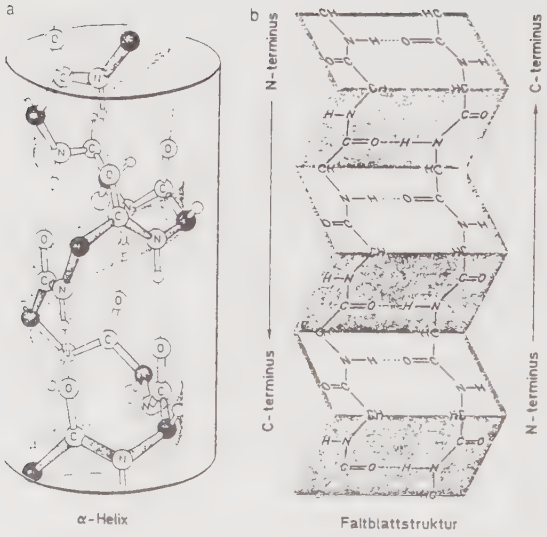


Abb. 5.7
Sekundärstrukturen von Proteinen: α - Helix und Faltblattstruktur (aus: KNIPPERS 1981, S. 7)

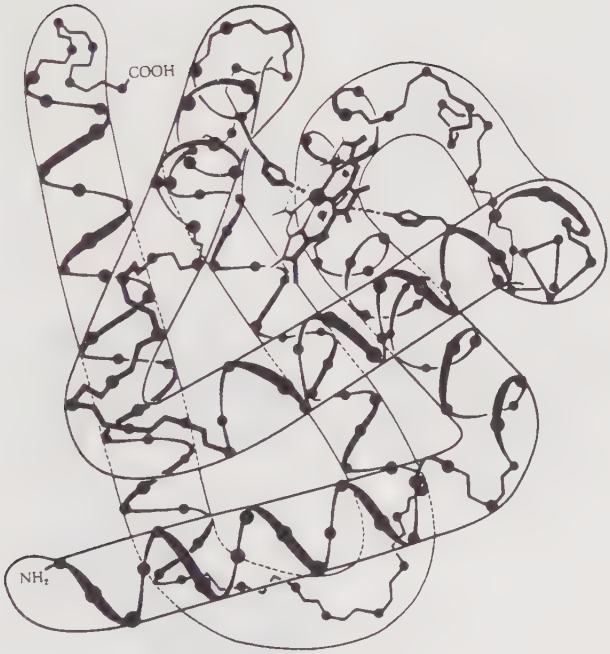


Abb. 5.8
Tertiärstruktur des Myoglobins (aus: LEHNINGER 1977, S. 109 nach: R.E. DICKERSON in: H. NEURATH (Hrsg.), The Proteins, New York 1964, S. 64)

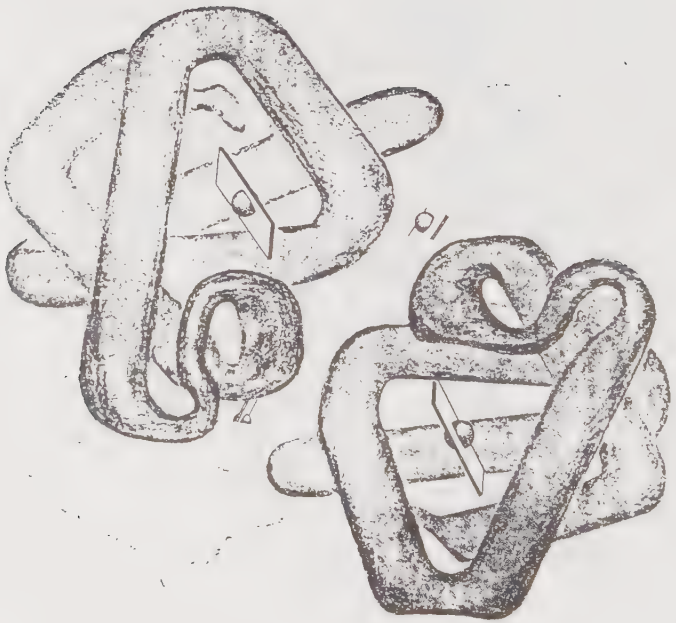


Abb. 5.9
Quartärstruktur des Hämoglobins
Die α - Globinketten sind dunkel hervorgehoben.
(aus: KNIPPERS 1982, S. 15 nach: DICKERSON/GEIS, The Structure and Action of Proteins, London 1969, Titelblatt)

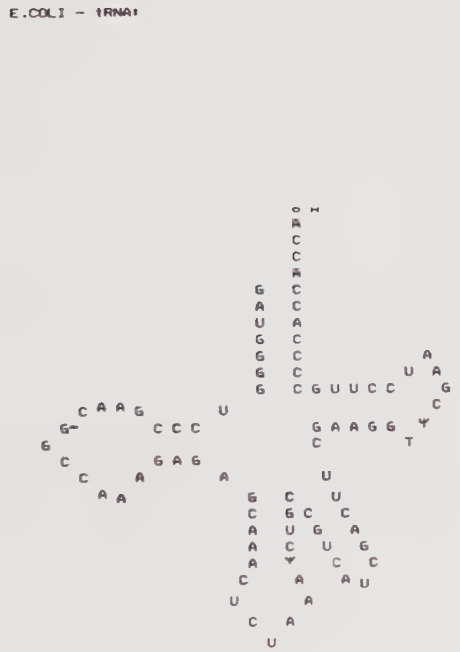


Abb. 5.10
Sekundärstruktur einer E. coli - tRNA
G^m : 1-Methyl-Guanosin-Monophosphat
Ψ : Pseudouridin-Monophosphat
(verändert nach: KNIPPERS 1982, S. 129)

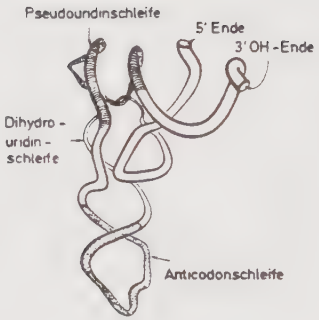


Abb. 5.11
Dreisimensionale Struktur einer tRNA (aus: KNIPPERS 1982, S. 128 nach: KIM et al. Science 179/1973, S. 285)

AKTIVIERUNG EINER AMINOSÄURE UND
ENTSTEHUNG EINER AMINOACYL-tRNA:

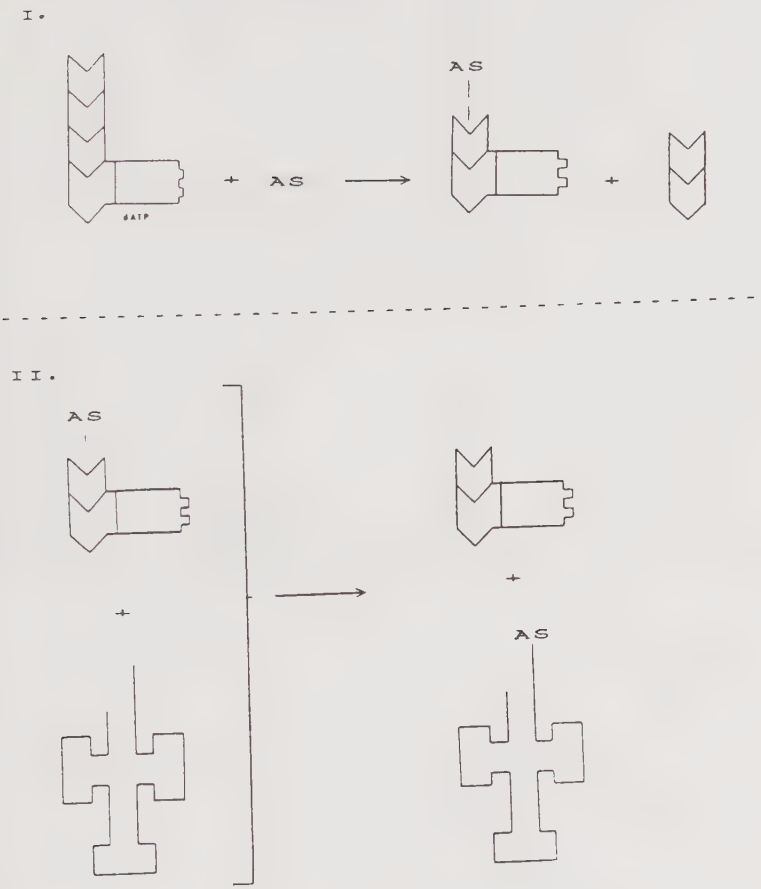


Abb. 5.12
Aktivierung einer Aminosäure - schematische Darstellung
I. Bildung eines Enzym-AMP-AS-Komplexes unter Abspaltung von Pyrophosphat
II. Übertragung der AS auf eine spezifische tRNA

EXPERIMENTE MIT RIBOSOMEN

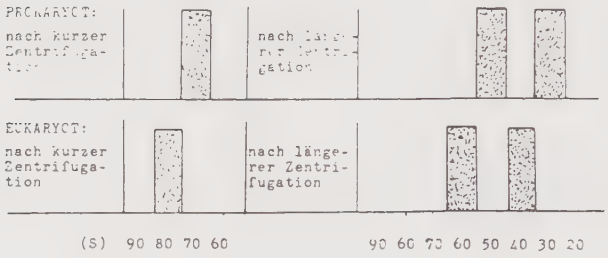
1. Durch Zentrifugation von abgetöteten E.coli-Zellextrakten in einem Rohrzuckerdichtegradienten werden Ribosomen gewonnen.

Der Rohrzuckerdichtegradient dient dazu, eine bessere Trennung der Teilchen zu erreichen.
Die Sedimentationsgeschwindigkeit eines Teilchens ist abhängig von der Form, der Größe und dem spezifischen Gewicht eines Moleküls.

Als Ergebnis erhält man für die Ribosomen einen bestimmten Sedimentationskoeffizienten. Dieser Wert wird als Svedberg-Einheit (S) bezeichnet.

Der gleiche Versuch wird darauf mit eukaryotischen Zellen durchgeführt.

Resultat:



2. Trennt man Proteine und RNA der Ribosomen und zentrifugiert letztere im Rohrzuckerdichtegradienten, so erhält man folgendes:

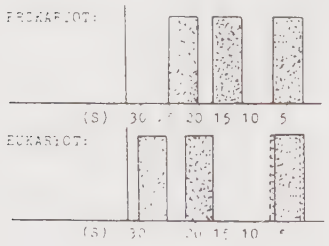


Abb. 5.13
Darstellung von 2 Experimenten, die Kenntnisse über den Aufbau von Ribosomen gaben

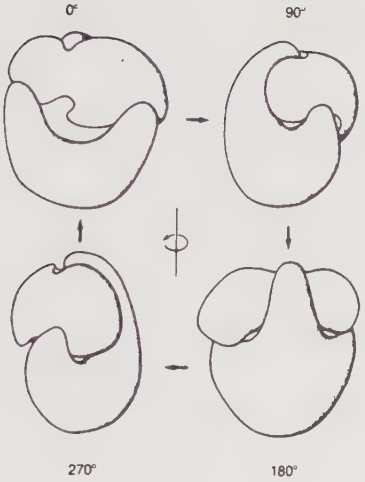


Abb. 5.14
Die räumliche Anordnung beider bakterieller Ribosomenuntereinheiten (aus: KAUDEWITZ 1983, S. 132)

5.4. GENREGULATION

5.4.1. EINFÜHRUNG IN DEN REGULATIONSMECHANISMUS DES LAC-OPERONS

Sachanalyse:

E. coli verwertet nur dann Lactose, wenn keine Glucose als Kohlenstoffquelle zur Verfügung steht. Dieser Zucker muß erst in zwei Hexosen zerlegt werden (vg Abb. 5.15), bevor er energetisch genutzt werden kann.
Ersetzt man bei einem Minimalnährboden Glucose durch Lactose, so wird kurze Zeit nach der Zugabe ß - Galactosidase-mRNA gebildet. Zeitlich ein paar Minuten versetzt wird dann die ß - Galactosidase synthetisiert, die den Abbau der Lactose zu Galactose und Glucose bewirkt (vgl. Abb. 5.16).
Nach Entfernung der Lactose aus dem Medium, geht die mRNA-Produktion sofort zurück. Die Enzymproduktion steigt noch einige Minuten weiter, bis sich die Reduktion der mRNA-Synthese auswirkt. Dann ist ein Plateau erreicht, da das Enzym eine wesentlich höhere Halbwert-Zeit als die mRNA hat (grobe Relation: Stunden zu Minuten).
Der Vorteil dieser Regulation liegt in der flexiblen Anpassung an eine andere Kohlenstoffquelle. Das zur Verwendung benötigte Enzym wird nur dann produziert, wenn Lactose im Außenmedium vorliegt. Damit ist eine äußerst ökonomische Differenzierung gegeben.

Um herauszufinden, wie die Lactose die ß -Galactosidase-mRNA-Produktion induziert, wird mit einem Bindungstest überprüft, ob der Zucker sich an irgendeine Substanz bindet (vgl. Abb. 5.17): Die Lactose wird radioaktiv markiert und zu einer löslichen Zellfraktion von E. coli gegeben. Dann werden die Fraktionen des Dichtegradienten gemessen.
Als Ergebnis erhält man, daß sich die Lactose an eine Substanz bindet, die eine Dichte von 8 S aufweist. Die DNA als Bindungspartner fällt aus, da sie einen Sedimentationskoeffizienten von 35 - 40 S hat. Die beobachtete Dichte ist für ein Protein charakteristisch. Der Lactose-Protein-Komplex bewirkt letztlich, daß das Gen transkribiert werden kann. Als Resultat entsteht u.a. ß - Galactosidase-mRNA.

● Didaktisch-methodische Hinweise:

Zur Einführung in das Thema beschäftigt sich der Leistungskurs intensiv mit der Lactose-Verwertung von E. coli (nur dort ist es zeitlich möglich !):
Anhand eines Arbeitsblattes sollen die Schüler den Zusammenhang zwischen ß - Galactosidase-mRNA und Lactose-Zugabe erarbeiten (s. Abb. 5.16).
Um herauszufinden, wie die Lactose die ß - Galactosidase-mRNA-Produktion induziert, beschäftigen sich die Schüler in Einzelarbeit mit der Darstellung eines Experimentes (s. Abb. 5.17). Bei der Suche nach einer Substanz mit dem ermittelten Sedimentationskoeffizienten hilft der Lehrer weiter.
Daran anschließend wird der Regulationsmechanismus mit der Computer-Simulation erarbeitet (s. Kapitel 4.5.).

● Lernziele:

Die Schüler sollen:

- den Einfluß der Lactose auf die β - Galactosidase-mRNA-Produktion erkennen und mögliche Hypothesen dazu aufstellen.
- erklären, warum die Enzymmenge trotz Entfernung der Lactose vom Minimalnährboden für kurze Zeit noch weiter ansteigt.
- das Ergebnis des Bindungstests beschreiben und interpretieren.

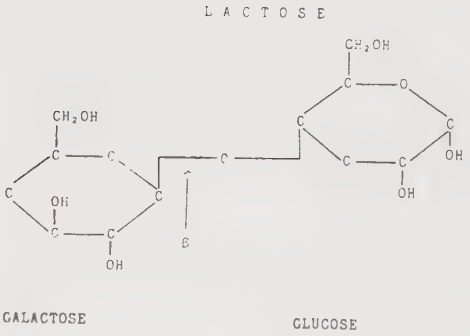


Abb. 5.15
Chemischer Aufbau von Lactose

GENREGULATION

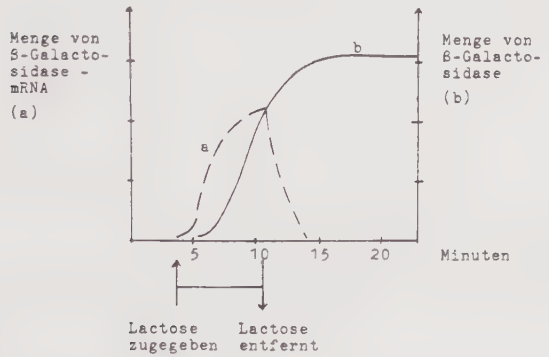
E.coli kann eine Reihe von Kohlenhydraten z.B. Galactose, Glucose und Lactose als Energie- und Kohlenstoffquelle nutzen.
Zur Verwertung der Lactose benötigt das Bakterium neben 2 weiteren Enzymen, die die Aufnahme des Zuckers ins Zellinnere regulieren, die ß-Galactosidase:

Lactose $\xrightarrow{\text{ß-Galactosidase}}$ Galactose + Glucose

Galactose $\longrightarrow$ Glucose

Die Glucose kann dann mit Energiegewinn weiter abgebaut werden (Glycolyse).

Ersetzt man bei einem Minimalnährboden für E.coli die Glucose durch Lactose, so stellt sich der Zellstoffwechsel auf die veränderten Nahrungsbedingungen folgendermaßen ein :



1. Werten Sie das Experiment anhand der Grafik aus !
2. Welchen Vorteil bietet die dargestellte Reaktion ?

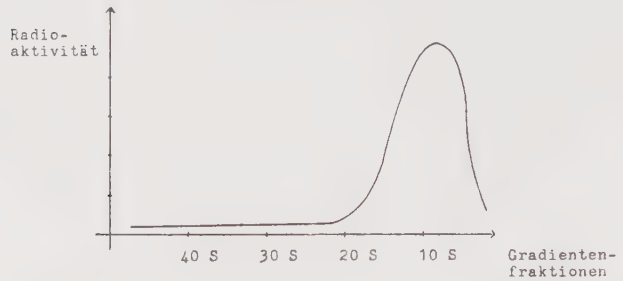
Abb. 5.16
Lactose-Verwertung bei E. coli
In diesem Versuch wird der Einfluß von Lactose-Zugabe und Entfernung vom Minimalnährboden auf die Menge von ß - Galactosidase-mRNA und Enzymprodukt ermittelt.

GENREGULATION

Bindungstest des Induktors

Zu einer löslichen Zellfraktion von E.coli gibt man als Induktor radioaktiv markierte Lactose.

Die Fraktionen des Dichtegradienten werden radioaktiv gemessen :



Beobachtung: Lactose bindet sich an eine Substanz, die eine Dichte von 8 S aufweist.

Erklärung : Lactose bindet sich an ein Protein.
Der entstandene Komplex bedingt letztlich die Synthese lactoseabbauender Enzyme.

Abb. 5.17
Bindungstest des Induktors
Mit diesem Versuch soll festgestellt werden, ob die Lactose sich an irgendeinen Stoff in der Zelle bindet, und wenn ja, an welchen (verändert nach: GILBERT/MÜLLER-HILL: The lac Operator is DNA, in: Proc. Natl. Acad. Sci. 58/1967, S. 2420). Beim Einsatz im Unterricht sind Beobachtung und Erklärung von den Schülern zu erarbeiten.

5.4.2. KONTROLLMECHANISMEN IM KATABOLISCHEN UND ANABOLISCHEN STOFFWECHSEL

Während der Leistungskurs mit Computer-Simulationen und mit Modellen arbeitet (s. Kapitel 4.5.), werden in einem der beiden Grundkurse nur Computer-Simulationen eingesetzt. Alternativ dazu beschäftigt sich der zweite Grundkurs nur mit Modellen.

6. EVALUATION

6.1. DURCHGEFÜHRTE TESTS

Alle Tests wurden ohne Ankündigung geschrieben.
Die Schüler hatten pro Test 20 Minuten zur Beantwortung Zeit.

6.1.1. VORTEST

Zu Beginn der Unterrichtsreihe wurde ein Vortest durchgeführt, um so das Vorwissen der Schüler zu ermitteln.
Die Fragen wurden sehr allgemein gestellt. So konnte jeder Schüler sein Wissen so ausführlich wie nötig darstellen, ohne an Fachbegriffen zu scheitern, die im Unterricht noch nicht behandelt worden waren.

- Darstellung:

→ Wie wird die Erbinformation verdoppelt ?
→ Wie wird die genetische Information in biologisch verwertbare Moleküle (z.B. Eiweiße) umgesetzt ?
→ Wie kann die Umsetzung der Erbinformation in biologisch verwertbare Moleküle reguliert werden ?

6.1.2. DNA-REPLIKATION

● Darstellung (s. Abb. 6.1):

Der Test ist ein zwei Abschnitte gegliedert:

▶ der erste Abschnitt ist als Lückentext konzipiert. Er enthält folgende Inhalte:
- Die Enzyme, die die Replikation einleiten, und der Startpunkt der Helikase sollen genannt werden.
- Die in der Zelle verfügbaren Bausteine liegen als Triphosphate vor.
- Die Polymerisation verläuft in 3´-Richtung.
- Die Energie für die Neusynthese wird durch die Abspaltung von 2 Phosphatresten/Nukleotid zur Verfügung gestellt.

▶ im zweiten Abschnitt liegt der Schwerpunkt auf einer stichpunktartigen Darstellungsweise.
Inhaltlich ging es um zwei Aspekte:
- Der diskontinuierliche Replikationsablauf sollte stichwortartig dargestellt werden.
- Die Nukleotide lagern sich nach dem ´trial and error principle´ an den parentalen Strang an.

● Beurteilung:

Maximal konnten 16 Punkte erreicht werden:
- für jeden richtig eingesetzten Begriff 1 Punkt (Σ = 11 Punkte),
- für die korrekt beschriebene diskontinuierliche Replikation 4 Punkte (= 4 Aussagen) und
- für die zufälligen Anlagerung des passenden Nukleotids 1 Punkt.

DNA - REPLIKATION

In E.coli beginnt die Replikation,sobald eine Helikase die Doppelhelix in einem kleinen Bereich,genannt origin, entwindet. Eine Topoisomerase öffnet den Doppelstrang. Die entstehenden Einzelstränge werden dann von Proteinen stabilisiert.
In der Zelle gibt es eine große Anzahl Nukleotide,die Bausteine für die neuen Stränge. Jedes Nukleotid besteht aus 1 Zucker,einer von 4 Basen und 3 Phosphatrest (en).
Ist die Initiation einmal gelungen,heftet die Polymerase III Desoxyribonukleotide an das 3' - Ende an.
Während der Polymerisation wird/werden pro Nukleotid 2 Phosphatrest (e) frei. Durch diese Abspaltung wird Energie zur Verfügung gestellt.

Auf dem komplementären Parentalstrang läuft die Replikation diskontinuierlich ab.
Beschreiben Sie diese Replikationsart kurz in Stichworten:
Primasen synthetisieren kurze RNA-Stücke (= Primer). An diese Primer heftet die Polymerase III Desoxy-Ribonukleotide. Die Polymerase I entfernt die Primer und ersetzt sie durch Desoxy-Ribonukleotide.
Eine Ligase schließt die Lücke zwischen den offenen Enden.

Wie gelangt bei beiden Replikationsarten das 'passende' Nukleotid an die 'richtige' Stelle ?
Das 'passende' Nukleotid gelangt zufällig an die 'richtige' Stelle.

Abb. 6.1
Lückentest zum Thema: DNA-Replikation
mit Lösung

6.1.3. TRANSLATION

● Darstellung:

Die zwei Fragen lauteten:

→ Beschreiben Sie in Stichworten die Elongation und die Termination der Translation.
Berücksichtigen Sie dabei die Energetik.

→ Wie gelangt die ´richtige´ tRNA an die ´passende´ Stelle der mRNA ?

Beantwortung der ersten Frage:

▶ Elongation:

- Anlagerung einer Aminoacyl-tRNA an die A-Stelle eines Ribosoms.
- der/die Aminoacylrest (e) der tRNA, die sich an der P-Stelle des Ribosoms befindet, verbindet/verbinden sich mit dem Aminoacylrest der tRNA, die sich an der A-Stelle angelagert hat. Die entladene tRNA verläßt P-Stelle.
- die mRNA wird mit der an sie gebundenen Peptidyl-tRNA um ein Triplettraster weiterbewegt, die tRNA befindet sich nun an der P-Stelle, eine weitere Aminoacyl-tRNA kann sich an der freigewordenen A-Stelle anlagern.
- Für die Anlagerung einer Aminoacyl-tRNA an die A-Stelle und die Translokation der mRNA wird Energie benötigt (je 1 GTP wird zu GDP + P hydrolisiert).

▶ Termination:

- Es gibt 3 Stopptripletts (UAG,UAA und UGA) auf der mRNA.
- Zu diesen gibt es keine tRNAs mit passenden Anticodonen.
- bei der Hydrolyse der Esterbindung zwischen dem Polypeptid und der tRNA wird GTP hydrolysiert.

Beantwortung der zweiten Frage:

- Die Aminoacyl-tRNAs lagern sich zufällig am Ribosom an.

● Beurteilung:

Folgende Punktzahlen konnten erreicht werden:

▶ 1. Frage:

- Elongation : 4 Punkte
- Termination: 3 Punkte

▶ 2. Frage:

- Anlagerung : 1 Punkt.

6.1.4. GENREGULATION

● Darstellung (s. Abb. 6.2):

Die Aufgaben sollten wie folgt gelöst werden:

► Das Schema sollte mit den folgenden Begriffen vervollständigt werden:

- P : Promotor
- O : Operator
- S : Strukturgen
- R : Repressorkonformation ohne Induktor
- R´: Repressorkonformation mit Induktor
- I : Induktor (bzw. L : Lactose).

► Bezeichnung des Operons:

- Lac-Operon.

► Benennung des Regulationsmechanismus´:

- Regulation der Transkription durch negative Kontrolle (hier: Induktion).

► Beschreibung des Mechanismus´:

- der Repressor liegt in 2 Konformationen vor: R und R´, der Induktor kann sich an R´ anlagern, R hat eine hohe Affinität zum Operator, R´ hat eine geringe Affinität zum Operator.
- liegt wenig Lactose vor, ist das Gleichgewicht zwischen R und R´ stark zugunsten von R verschoben, es findet also nur sehr selten eine Transkription statt.
- ist viel Lactose vorhanden, liegt das Gleichgewicht mehr bei R´, die Strukturgene werden häufiger transkribiert.

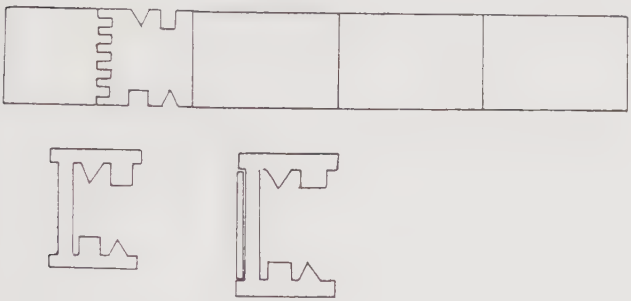
● Beurteilung:

Folgende Punktzahlen konnten erreicht werden:

- 1. Aufgabe:
  - je 1/2 Punkt pro richtiger Beschriftung
- 2. Aufgabe:
  - 1 Punkt
- 3. Aufgabe:
  - 1 Punkt
- 4. Aufgabe:
  - 6 Punkte.

GENREGULATION

Das Chromosom von E.coli enthält ca. 4000 Genorte. Die Transkription und Translation dieser Gene muß aufgrund ihrer Vielzahl reguliert werden.
Das Schema eines möglichen Regulationsmechanismus' sehen Sie hier:



Aufgaben:

1. Beschriften Sie das Schema !
2. Um welches Operon handelt es sich ?
3. Beschreiben Sie diesen Regulationsmechanismus unter besonderer Berücksichtigung der Repressoren !
   (Hierbei sollten Sie u.a. die Begriffe Affinität und Quantität erläutern !)

Abb. 6.2
Test zum Thema: Regulation der Transkription

6.1.5. NACHTEST

● Darstellung (s. Abb. 6.3):

Der Nachtest wurde nach dem multiple choice Verfahren konzipiert.
Zu jedem der drei schon getesteten Themenbereiche wurden drei Fragen gestellt.

▶ Replikation:
- als Bausteine dienen Nukleosid-Triphosphate.
- die Nukleotide gelangen zufällig zum Enzym.
- die Replikation verläuft kontinuierlich und diskontinuierlich.

▶ Translation:
- die Information der mRNA wird am Ribosom in eine Aminosäuresequenz umgesetzt.
- für die Translation werden benötigt: mRNA, tRNA, Ribosomen, Aminosäuren und Enzyme.
- Es entstehen Aminosäuresequenzen (= Proteine).

▶ Regulation:
- ein Operon besteht aus Promotor, Operator und Strukturgenen.
- Das Lactose- und das Arabinose-Operon dient dem Stoffabbau.
- die Regulation hängt sowohl von der Affinität des Repressors, der gerade anzahlmäßig überwiegt, zum Operator ab als auch von der Anzahl der Repressoren, die eine hohe Affinität zum Operator haben.

● Beurteilung:

Bei der Auswertung des multiple-choice-Tests wurden nur fehlende und falsche Antworten registriert.
Die erbrachte Leistung ist um so größer, desto niedriger die erreichte Punktzahl ist.

TEST:

'HINWEIS: ES KÖNNEN MEHRERE ANTWORTEN RICHTIG SEIN'

1. Replikation
Mit Hilfe welcher Bausteine wird die DNA verdoppelt:
- ☐ Nukleosid-Monophosphate
- ☐ Nukleosid-Diphosphate
- ☒ Nukleosid-Triphosphate

Wie gelangen diese Bausteine an die 'richtigen' Stellen:
- ☐ Die Polymerase sucht sich gezielt die passenden Nukleotide
- ☒ Die Nukleotide gelangen zufällig zum Enzym. Dort entscheidet sich anhand der möglichen Wasserstoff-Brücken-Bindungen, ob es die 'richtigen' sind.
- ☐ Durch chemische Bindungskräfte gelangt immer nur das 'passende' Nukleotid zum Enzym.

Wie wird die DNA repliziert:
- ☐ kontinuierlich
- ☐ diskontinuierlich
- ☒ kontinuierlich und diskontinuierlich

2. Translation
Die Information welcher Substanz wird bei der Translation in eine Aminosäuresequenz 'übersetzt':
- ☒ mRNA
- ☐ tRNA
- ☐ DNA

Was wird für die Translation benötigt:
- ☒ mRNA
- ☒ tRNA
- ☐ DNA
- ☒ Ribosomen
- ☐ Chloroplasten
- ☒ Aminosäuren
- ☒ Enzyme

Was entsteht bei der Translation:
- ☐ Polymerasen
- ☒ Proteine
- ☒ Aminosäuresequenzen
- ☐ DNA

3. Regulation
Woraus besteht ein Operon:
- ☒ Strukturgenen
- ☐ origins
- ☒ Promotor
- ☒ Operator
- ☐ Repressor

Welches Operon dient dem Stoffabbau:
- ☒ Lactose
- ☐ Tryptophan
- ☒ Arabinose

Wovon hängt die Regulation entscheidend ab:
- ☒ Von der Affinität des Repressors, der gerade anzahlmäßig überwiegt, zum Operator
- ☒ Von der Anzahl Repressoren mit hoher Affinität zum Operator

Abb. 6.3
Multiple Choice Test über das Teilgebiet der molekularen Genetik, soweit es im Unterricht behandelt worden war.

6.2. DARSTELLUNG DER TESTERGEBNISSE

Aus Gründen der Vereinfachung möchte ich für die verschiedenen Kurse folgende Abkürzungen verwenden:

- Grundkurs vom Antonius-Kolleg : AKGk,
- Grundkurs vom Albert-Einstein-Gymnasium : AEGGk,
- Leistungskurs vom Albert-Einstein-Gymnasiums: AEGLk.

Stichprobenumfang: 50 Schüler

Der Vortest wurde zu Beginn der Unterrichtsreihe durchgeführt.
Die drei weiteren Tests wurden unmittelbar im Anschluß an die Besprechung der Teilgebiete geschrieben.
Der Nachtest wurde zweimal durchgeführt:

- 2 Wochen nach der letzten zur Thematik gehörenden Wiederholung (= Nachtest I)
- ca. 3 Monate nach dem 1. Nachtest (= Nachtest II)

(Als Fehler gilt die Summe fehlender und falscher Lösungen !)

6.2.1. VORTEST

1. Frage: Wie wird die Erbinformation verdoppelt ?

In allen Kursen wurde nur eine korrekte Aussage gemacht:
"Der DNA-Doppelstrang wird geteilt und dann komplementär ergänzt. Der Vorgang wird als ´identische Reduplikation´ bezeichnet."

- AKGk : 3 Schüler
- AEGGk: 2 Schüler
- AEGLk: 2 Schüler

} gaben ähnliche Antworten

Weitergehende Darstellungen wurden nicht gegeben.

2. Frage: Wie wird die Erbinformation in biologisch verwert - bare Moleküle umgesetzt ?

Von einigen Schülern wurde folgende Aussage gemacht:
"Die DNA wird von einer RNA kopiert und an den Ribosomen in Eiweiße umgesetzt."

- AKGk : 1 Schüler
- AEGGk: kein Schüler
- AEGLk: 1 Schüler

3. Frage: Wie kann die Genexpression reguliert werden ?

Diese Frage wurde von keinem Schüler beantwortet.

Die Ergebnisse des Vortests zeigen, daß allen Schülern molekulargenetischen Prozesse im Detail unbekannt waren.
In den nachfolgenden Tests wurde aber gerade das Wissen der Details erfragt. Demzufolge dokumentieren die weiteren Tests einen absoluten Lernzuwachs.

6.2.2. REPLIKATION

AKGk:

Diesen Test schrieben vom AKGk 10 Schüler mit.
In der Grafik (s. Abb. 6.5) sind vier Blöcke zu erkennen:
- Vier Schüler halten die Spitzenposition mit 14 - 16 Punkten.
- Drei Schüler bilden mit 9 - 11 Punkten den zweiten Block.
- Zwei Schüler erreichten je 6 und 7 Punkte.
- Ein Schüler erlangte nur 1 Punkt.

Der Mittelwert liegt bei $\bar{x}$ = 10.3 Punkten. Entsprechend der geringen Schülerzahl sind die Schwankungen um den Mittelwert beträchtlich: die Streuung σ beträgt 20.46 und die Standardabweichung s = 4.523.

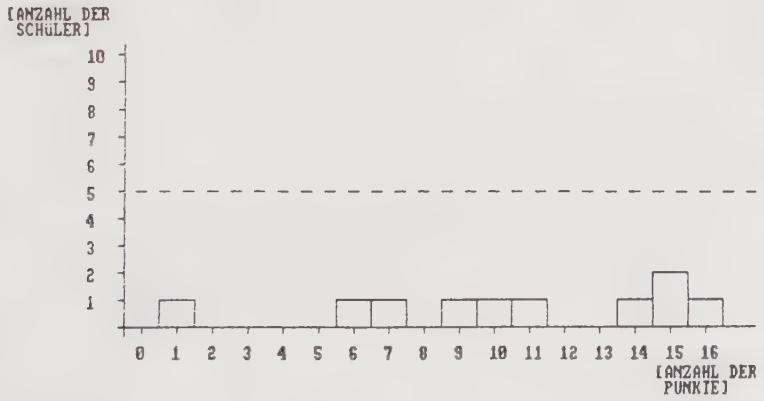


Abb. 6.5
Ergebisse im 1. Test pro Schüler des Antonius-Kollegs (Gk - 1985) dargestellt
10 Schüler haben den 1. Test mitgeschrieben:
$\bar{x}$ = 10.3 ; σ = 20.46 ; s = 4.5

AEGGk:

17 Schüler des AEGGks schrieben den Test mit.
Der Mittelwert liegt bei 7.618.
Die Streuung ist zwar auch noch relativ groß (σ = 9.722, s = 3.118), jedoch in diesem Fall durch einen "Ausreißer" (BORTZ 1979) bedingt: ein Schüler erreichte 15 Punkte.
Die Ergebnisse der übrigen Schüler bilden einen Block, der zwischen 2 und 11 Punkten liegt (s. Abb. 6.6). Drei Schüler erreichten 11 Punkte, vier Schüler 8, zwei Schüler 7 und jeweils ein Schüler erreichte die Punktzahlen 2, 3 ... 11.

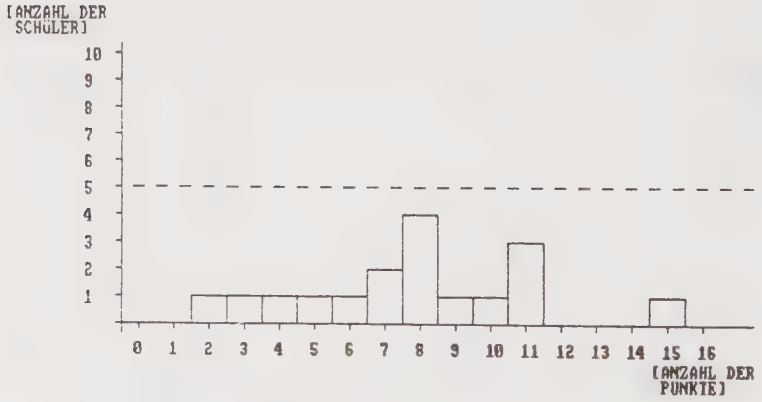


Abb. 6.6
Ergebnisse im 1.Test pro Schüler des Albert-Einstein-Gymnasiums (Gk -1985) dargestellt
17 Schüler haben den Test mitgeschrieben:
$\bar{x}$ = 7.618 ; σ = 9.722 ; s = 3.118

AEGLk:

Den 1.Test absolvierten im AEGLk 20 Schülern.
Die erzielten Punkte sind dicht um den Mittelwert ($\bar{x}$ = 11.15) verteilt: σ = 2.653, s = 1.629 (s. Abb. 6.7).

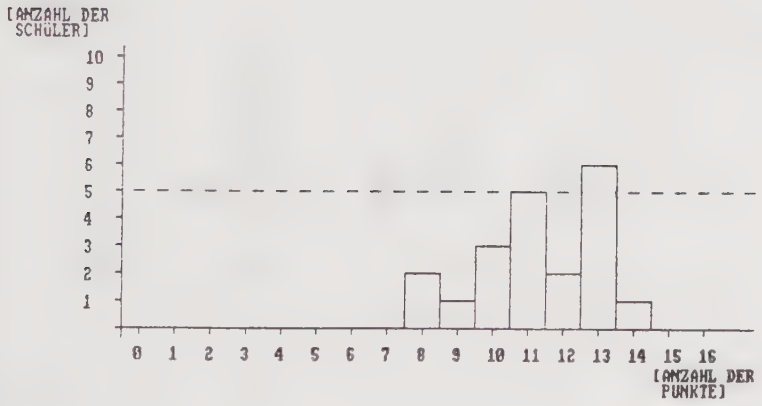


Abb. 6.7
Ergebnisse im 1. Test pro Schüler des Albert-Einstein-Gymnasiums (Lk - 1985) dargestellt
20 Schüler haben den Test mitgeschrieben:
$\bar{x}$ = 11.15 ; σ = 2.653 ; s = 1.629

Gesamtvergleich:

Abbildung 6.8 zeigt die angegebenen statistischen Werte für den 1. Test im Vergleich.

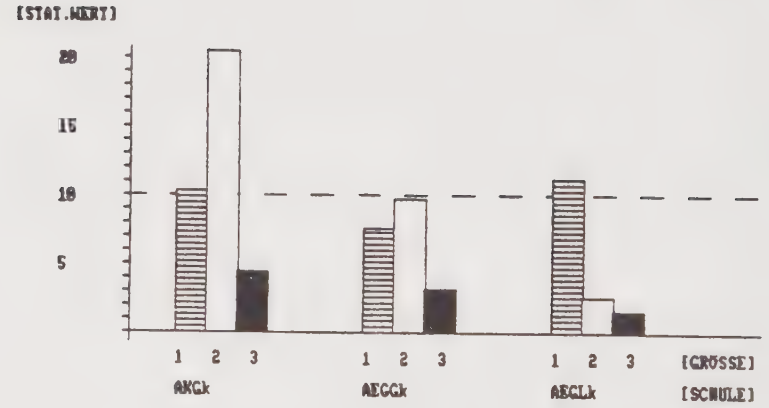


Abb. 6.8
Statistische Werte,die in den 3 Kursen beim 1. Test erreicht wurden:
1 - arithmetisches Mittel (schraffiert)
2 - Varianz (weiß)
3 - Standardabweichung (schwarz).
AKGk = Antonius-Kolleg,Grundkurs
AEGGk = Albert-Einstein-Gymnasium,Grundkurs
AEGLk = Albert-Einstein-Gymnasium,Leistungskurs

6.2.3. TRANSLATION

AKGk:

10 Schüler des AKGks schrieben den Test mit.
Das arithmetische Mittel liegt bei $\bar{x} = 4.05$ mit einer Varianz von $\sigma = 3.223$ und einer Standardabweichung von $s = 1.795$.
Ein Extremwert bedingt eine etwas größere Streuung als beim AEGLk (vgl. Abb. 6.11).
Die restlichen Ergebnisse liegen in einem Block zwischen 1 und 6 Punkten (s. Abb. 6.9).

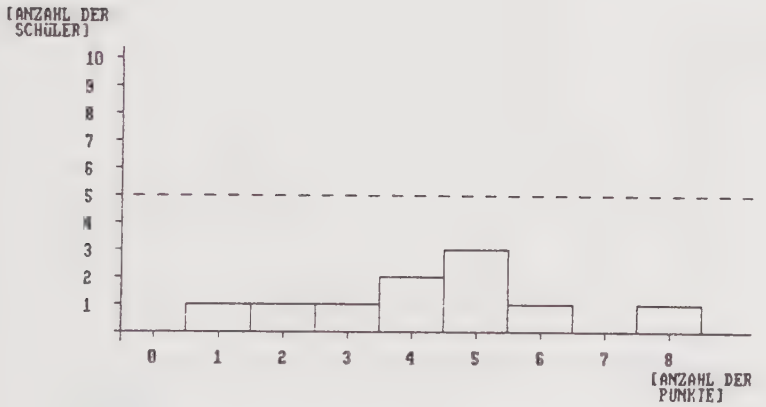


Abb. 6.9
Ergebnisse im 2. Test pro Schüler des Antonius-Kollegs (Gk - 1985) dargestellt
10 Schüler haben den Test mitgeschrieben:
$\bar{x} = 4.05$; $\sigma = 3.223$; $s = 1.795$

AEGGk:

Beim AEGGk waren an diesem Test 12 Schüler beteiligt. Zwei Schüler bekamen 0, die anderen 2 - 5 Punkte.
Sie erreichten einen Mittelwert $\bar{x}$ von 2.208 mit einer Streuung σ von 2.769 und einer Standardabweichung s von 1.664 (s. Abb. 6.10).

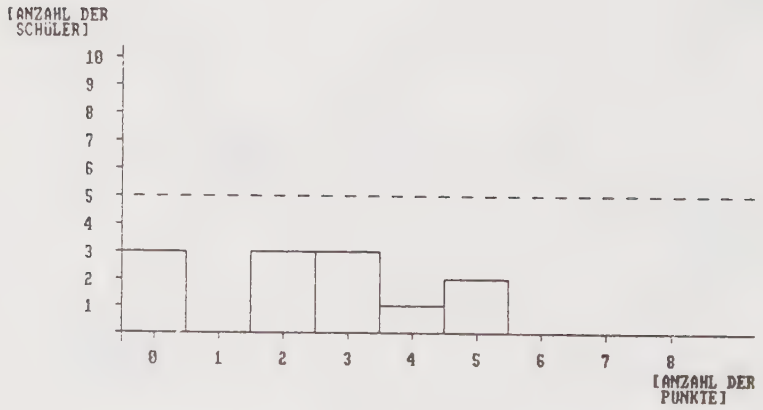


Abb. 6.10
Ergebnisse im 2. Test pro Schüler des Albert-Einstein-Gymnasiums (Gk - 1985) dargestellt
12 Schüler haben den Test mitgeschrieben:
$\bar{x}$ = 2.208 ; σ = 2.769 ; s = 1.664

AEGLk:

Die erzielten Punktwerte der 17 Schüler des AEGLks lagen zwischen 2 und 6 Punkten dicht zusammen: $\bar{x} = 4.059$, $\sigma = 1.291$ und $s = 1.136$ (s. Abb. 6.11).

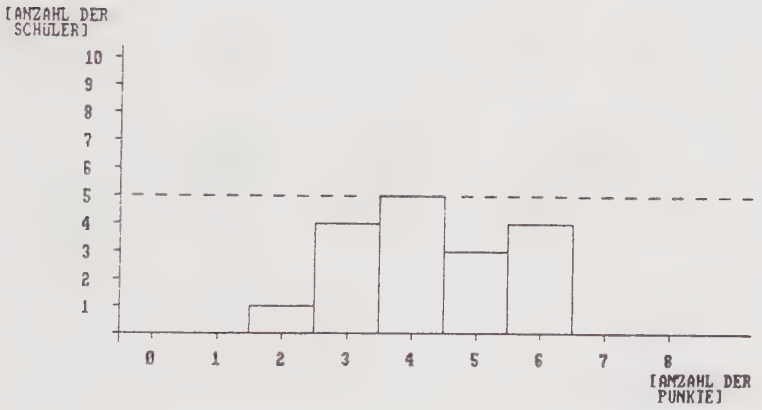


Abb. 6.11
Ergebnisse im 2. Test pro Schüler des Albert-Einstein-Gymnasiums (Lk - 1985) dargestellt
17 Schüler haben den Test mitgeschrieben:
$\bar{x} = 4.059$; $\sigma = 1.291$; $s = 1.136$

Gesamtvergleich:

In Abbildung 6.12 sind die Ergebnisse des 2. Tests vergleichend dargestellt.

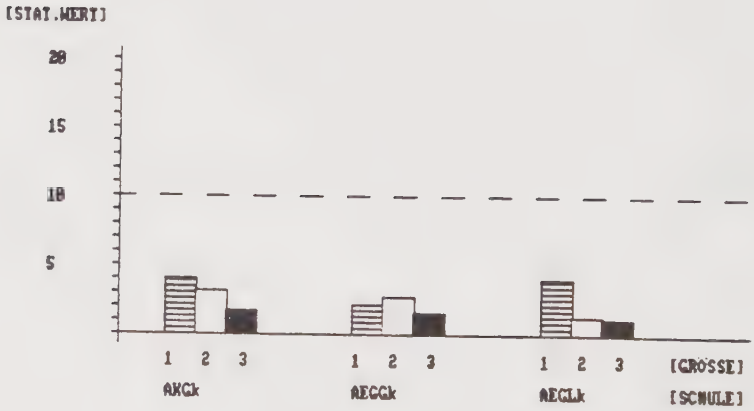


Abb. 6.12
Statistische Werte, die in den 3 Kursen im 2. Test erreicht wurden:
1 - arithmetisches Mittel (schraffiert)
2 - Varianz (weiß)
3 - Standardabweichung (schwarz).
AKGk = Antonius-Kolleg,Grundkurs
AEGGk = Albert-Einstein-Gymnasium,Grundkurs
AEGLk = Albert-Einstein-Gymnasium,Leistungskurs

6.2.4. GENREGULATION

AKGk:

10 Schüler des AKGk schrieben den Test mit. Der Mittelwert $\bar{x}$ liegt bei 9.4 mit einer Varianz σ von 4.44 und einer Standardabweichung s von 2.107.
Die vergleichsweise große Streuung wird durch einen Schüler verursacht,der mit nur 4 Punkten weit hinter den anderen, die 8 - 11 Punkte erreichten, zurückblieb (s. Abb. 6.13).

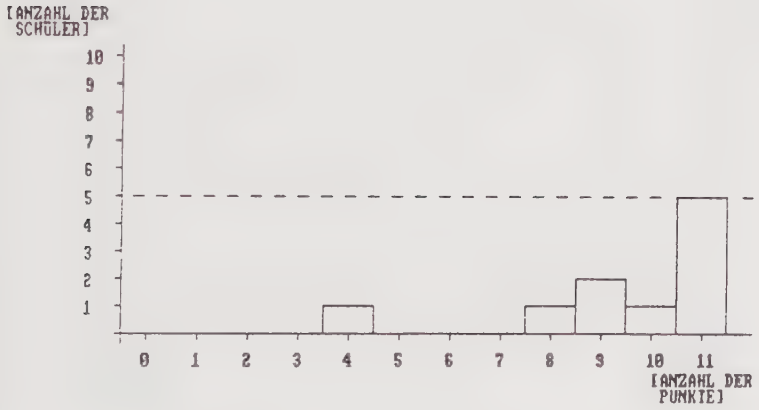


Abb. 6.13
Ergebnisse im 3. Test pro Schüler des Antonius-Kollegs (Gk - 1985) dargestellt
10 Schüler haben den Test mitgeschrieben:
$\bar{x}$ = 9.4 ; σ = 4.44 ; s = 2.107

AEGGk:

Im AEGGk nahmen 17 Schüler an diesem Test teil.
Ein Block von 5 Schülern liegt an der Spitze mit 9, 10 und 11 Punkten.Die Besten des zweiten Blocks haben 6 Punkte (s. Abb. 6.14).
Das arithmetische Mittel liegt bei 5.867,die Varianz bei 11.282 und die Standardabweichung bei 3.359.

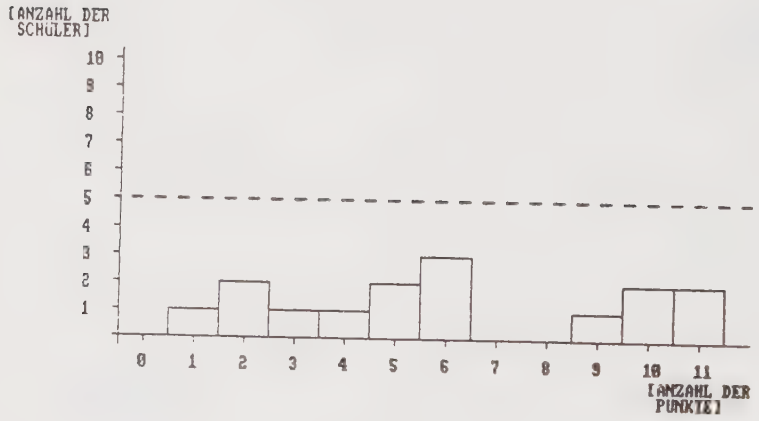


Abb. 6.14
Ergebnisse im 3. Test pro Schüler des Albert-Einstein-Gymnasiums (Gk - 1985) dargestellt
17 Schüler haben den Test mitgeschrieben:
$\bar{x}$ = 5.867 ; σ = 11.282 ; s = 3.359

AEGLk:

19 Leistungskursschüler absolvierten den Test über Genregulation.
Im Balkendiagramm (s. Abb. 6.15) sind 3 Blöcke zu erkennen:

- Sechzehn Schüler erreichten 7 und mehr Punkte.
- Ein Schüler erlangte 5 Punkte.
- Zwei Schüler erreichten jeweils 2 und 3 Punkte.

Im Mittel wurden 8.289 Punkte mit einer Streuung von 7.403 und einer Standardabweichung von 2.721 erzielt.

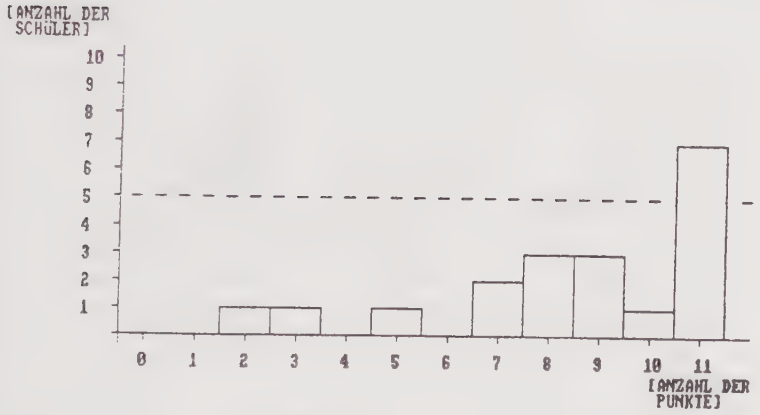


Abb. 6.15
Ergebnisse im 3. Test pro Schüler des Albert-Einstein-Gymnasiums (Lk - 1985) dargestellt
19 Schüler haben den Test mitgeschrieben:
$\bar{x}$ = 8.289 ; σ = 7.403 ; s = 2.721

Gesamtvergleich:

In Abbildung 6.16 sind die Ergebnisse des 3. Tests vergleichend dargestellt.

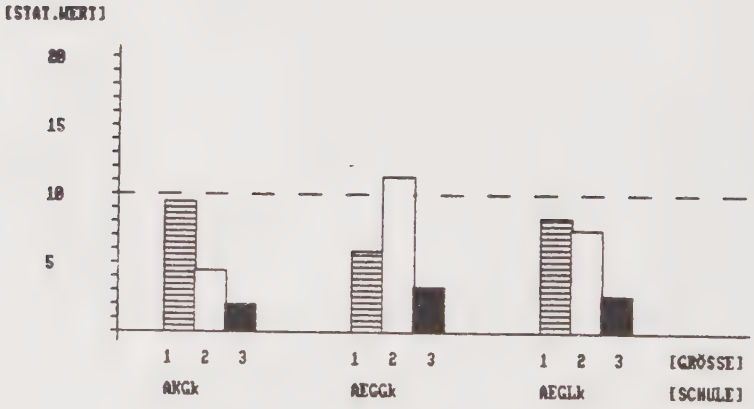


Abb. 6.16
Statistische Werte, die in den 3 Kursen im 3. Test erreicht wurden:
1 - arithmetisches Mittel (schraffiert)
2 - Varianz (weiß)
3 - Standardabweichung (schwarz).
AKGk = Antonius-Kolleg,Grundkurs
AEGGk = Albert-Einstein-Gymnasium,Grundkurs
AEGLk = Albert-Einstein-Gymnasium,Leistungskurs

6.2.5. NACHTEST I

AKGk:

9 Schüler haben den Test mitgeschrieben (s. Abb. 6.17).
Ein Schüler hat alle Aufgaben richtig gelöst.
Addiert man fehlende und falsche Antworten, so erhält man einen Mittelwert von 4.667, eine Varianz von 10 und eine Standardabweichung von 3.162 .

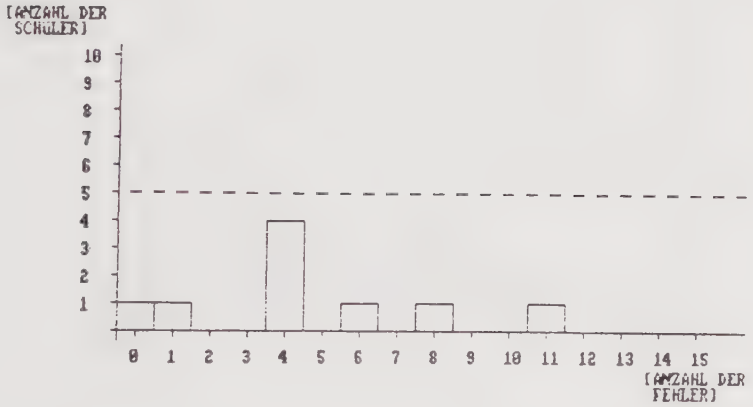


Abb. 6.17
Anzahl der Fehler im Nachtest I pro Schüler des Antonius-Kollegs (Gk - 1985) dargestellt.
9 Schüler haben den Nachtest I mitgeschrieben:
$\bar{x} = 4.667$; $\sigma = 10$; $s = 3.162$.
Fehlende und falsche Antworten wurden für die Berechnungen addiert.

AEGGk:

14 Schüler des AEG-Grundkurses schrieben den Test mit. Drei Blöcke sind erkennbar (s. Abb. 6.18):

- Sechs Schüler hatten 5 - 7 Fehler.
- Sieben Schüler machten 9 - 12 Fehler.
- Ein Schüler erreichte 14 Fehler.

Der Mittelwert aller Fehler liegt bei 9.143, die Varianz bei 8.265 und die Standardabweichung bei 2.695 .

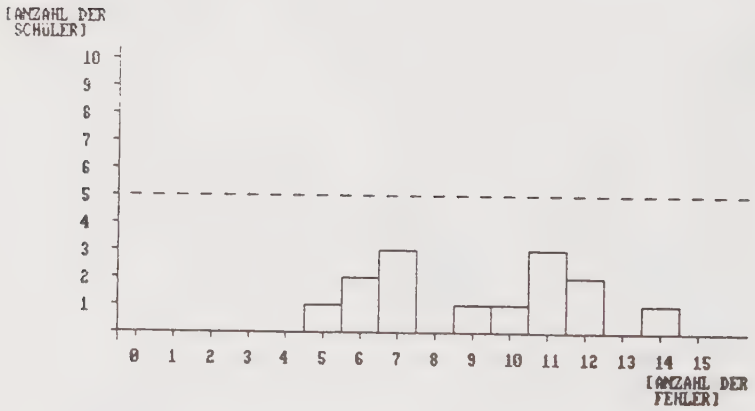


Abb. 6.18
Anzahl der Fehler im Nachtest I pro Schüler des Albert-Einstein-Gymnasiums (Gk - 1985) dargestellt.
14 Schüler haben den Nachtest I mitgeschrieben:
$\bar{x}$ = 9.143 ; σ = 7.265 ; s = 2.695 .
Fehlende und falsche Antworten wurden für die Berechnungen addiert.

AEGLk:

19 Schüler absolvierten den Test.
Im Balkendiagramm lassen sich zwei Blöcke erkennen (s. Abb. 6.19):
- Dreizehn Schüler hatten 1 - 4 Fehler.
- Sechs Schüler machten 6 - 9 Fehler.

Die Werte verteilten sich wie folgt:
arithmetisches Mittel : 4.684 ; Varianz : 5.585 ; Standardabweichung : 2.363 .

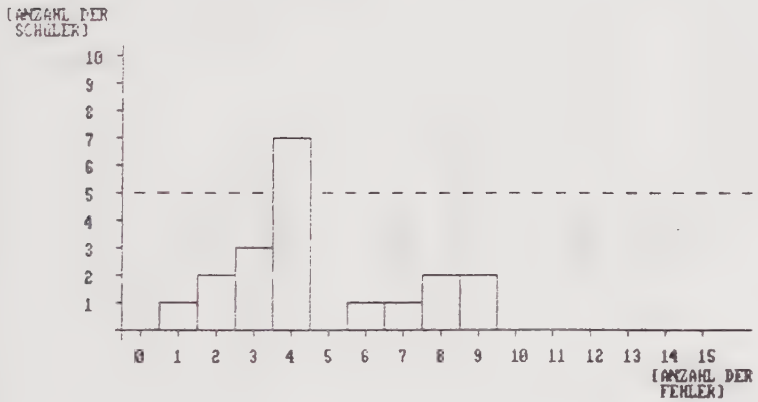


Abb. 6.19
Anzahl der Fehler im Nachtest I pro Schüler des Albert-Einstein-Gymnasiums (Lk - 1985) dargestellt.
19 Schüler haben den Nachtest I mitgeschrieben:
$\bar{x} = 4.684$; $\sigma = 5.585$; $s = 2.363$.
Fehlende und falsche Antworten wurden für die Berechnungen addiert.

Gesamtvergleich:

In Abbildung 6.20 sind die statistischen Werte der drei Testgruppen für den Nachtest I vergleichend dargestellt. Auffallend ist die hohe Varianz im Grundkurs des Antonius-Kollegs. Der Grund dafür liegt in der breiten Streuung der Testresultate (vergl. Abb. 6.17).

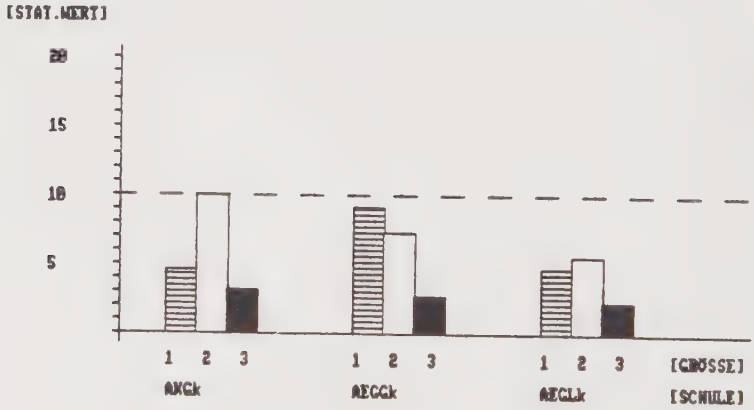


Abb. 6.20
Statistische Werte, die in den 3 Kursen beim Nachtest I erreicht wurden:
(Bezugspunkt ist hier die Fehlerzahl !)
1 - arithmetisches Mittel (schraffiert)
2 - Varianz (weiß)
3 - Standardabweichung (schwarz).
AKGk = Antonius-Kolleg, Grundkurs
AEGGk = Albert-Einstein-Gymnasium, Grundkurs
AEGLk = Albert-Einstein-Gymnasium, Leistungskurs

6.2.6. NACHTEST II

AKGk:

12 Schüler beteiligten sich am zweiten Nachtest.
Es sind zwei Blöcke erkennbar (s. Abb. 6.21):
- Sieben Schüler machten weniger als 6 Fehler.
- Drei Schüler hatten 7 und 8 Fehler.

Ein Schüler erreichte 10 und einer 14 Fehler.
Der Mittelwert liegt bei 5.833, die Varianz bei 13.076 und die Standardabweichung bei 3.616.
Ein Extremwert (14 Fehler) bedingt die hohe Varianz.

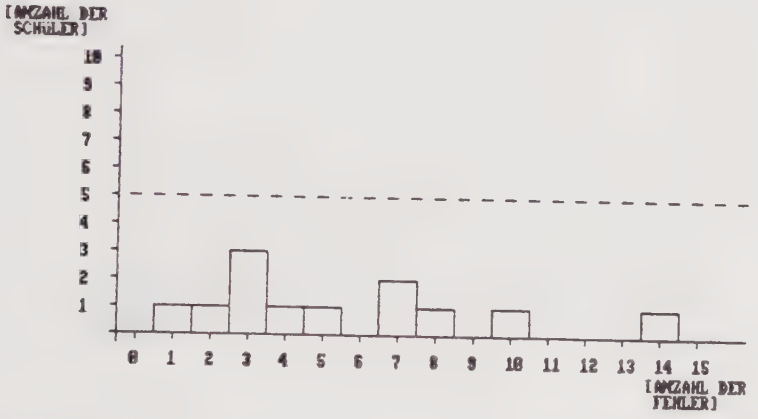


Abb. 6.21
Anzahl der Fehler im Nachtest II pro Schüler des Antonius-Kollegs (Gk - 1985) dargestellt.
12 Schüler haben den Nachtest II mitgeschrieben:
$\bar{x} = 5.583$; $\sigma = 13.076$; $s = 3.616$.
Fehlende und falsche Antworten wurden für die Berechnungen addiert.

AEGGk:

13 Schüler schrieben den Nachtest II mit.
Zwei Blöcke sind erkennbar (s. Abb. 6.22):
- Acht Schüler machten 6 bis 9 Fehler.
- Fünf Schüler machten 11 bis 13 Fehler.
Es wurde ein Mittelwert von 9.385, eine Varianz von 6.082 und eine Standardabweichung von 2.466 erreicht.

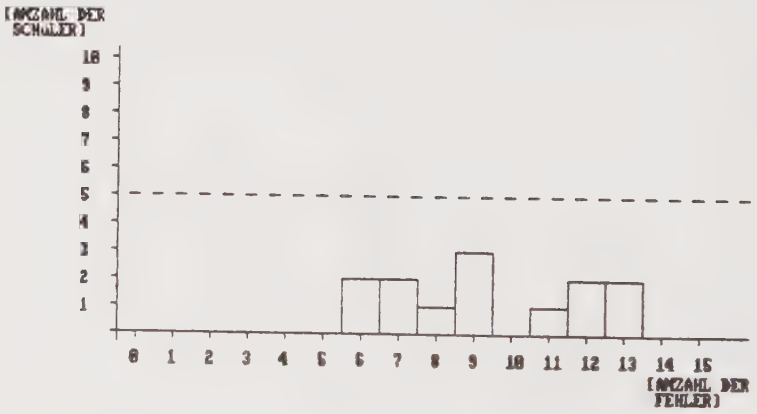


Abb. 6.22
Anzahl der Fehler im Nachtest II pro Schüler des Albert-Einstein-Gymnasiums (Gk - 1985) dargestellt.
13 Schüler haben den Nachtest II mitgeschrieben:
$\bar{x} = 9.385$; $\sigma = 6.083$; $s = 2.466$.
Fehlende und falsche Antworten wurden für die Berechnungen addiert.

AEGLk:

18 Schülern absolvierten den Nachtest II.
Drei Blöcke sind erkennbar ´s. Abb. 6.23):

- Drei Schüler hatten 2 bzw. 3 Fehler.
- Elf Schüler machten 5 bis 8 Fehler.
- Vier Schüler erreichten 10 bzw. 11 Fehler.

Der Mittelwert liegt bei 6.833, die Varianz bei 7.472 und die Standardabweichung bei 2.734.

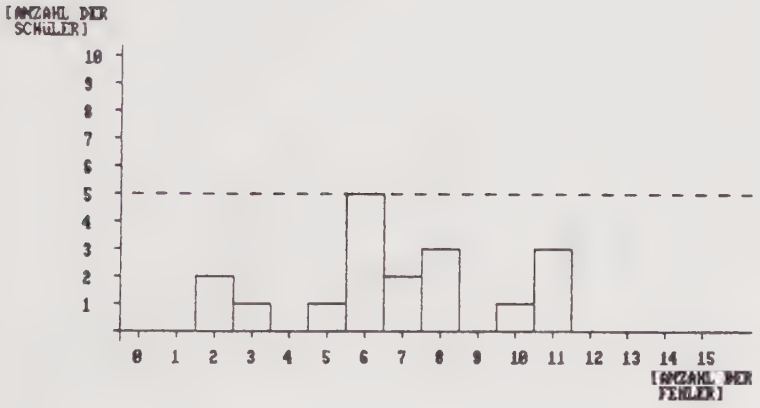


Abb. 6.23
Anzahl der Fehler im Nachtest II pro Schüler des Albert-Einstein-Gymnasiums (Lk - 1985) dargestellt.
18 Schüler haben den Nachtest II mitgeschrieben:
$\bar{x} = 6.833$; $\sigma = 7.472$; $s = 2.734$.
Fehlende und falsche Antworten wurden für die Berechnungen addiert.

Gesamtvergleich:

In Abbildung 6.24 sind die statistischen Werte aller drei Kurse für den Nachtest II vergleichend dargestellt.

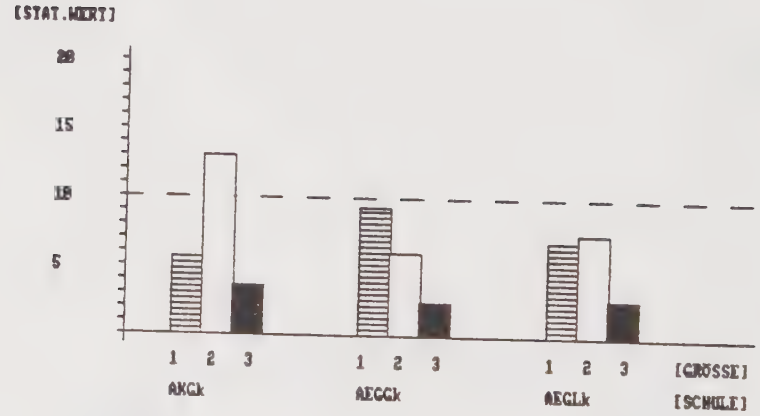


Abb. 6.24
Statistische Werte, die in den 3 Kursen beim Nachtest II erreicht wurden:
(Bezugspunkt ist hier die Fehlerzahl !)
1 - arithmetisches Mittel (schraffiert)
2 - Varianz (weiß)
3 - Standardabweichung (schwarz).
AKGk = Antonius-Kolleg, Grundkurs
AEGGk = Albert-Einstein-Gymnasium, Grundkurs
AEGLk = Albert-Einstein-Gymnasium, Leistungskurs

6.3. INTERPRETATION DER ERGEBNISSE

Wie bereits in Kapitel 1 und 3 ausgeführt, war das Ziel der Unterrichtserprobung, die Effektivität von Computer-Simulationen im Vergleich zu Modellen hinsichtlich der Thematik 'Molekulargenetik' zu untersuchen.
Zur Überprüfung werden folgende Hypothesen getestet:

H_1 : Der Grundkurs, der mit Hilfe von Computer-Simulationen unterrichtet wurde (= AKGk), weist signifikant bessere Resultate auf als der andere Grundkurs (= AEGGk).

Die Alternativhypothese lautet:

H_0 : Die beiden Grundkurse unterscheiden sich hinsichtlich ihrer Testerergebnisse nicht voneinander.

Statistisch bedeutet dies:

H_1 : $\mu_1 - \mu_2 \neq 0$, d.h. die beiden Stichproben stammen aus Populationen, deren Mittelwertsparameter μ_1 und μ_2 unterschiedlich sind.

H_0 : $\mu_1 - \mu_2 = 0$, d.h. die beiden Populationsparameter μ_1 und μ_2 sind identisch.

Die Hypothese H_0 kann nicht mit Hilfe des sonst üblichen t-Test untersucht werden, da als Bedingung für dessen Durchführung gilt, daß die Grundgesamtheiten aus denen die Stichproben stammen, normalverteilt sind. Diese Bedingung ist bei Stichproben des vorliegenden Umfangs nicht zu überprüfen.

Stattdessen muß ein "voraussetzungsfreies Verfahren" (BORTZ 1979, S. 172) verwendet werden. Dieses Verfahren benutzt lediglich die ordinale Information der Daten.
Zur Aussagekraft dieser Verfahren gilt: "More often than not, the nonparametric procedures are only slightly efficient than their normal theory competitors when the underlying populations are normal ..., and they can be mildly and wildly

more efficient than these competitors when underlying populations are not normal" (HOLLANDER/WOLFE 1973, S. 1).

Speziell für kleine, nichtparametrische Stichproben wurde der U-Test von MANN-WITHNEY entwickelt.
"The basic hypothesis is ... the samples can be thought of as a single sample from one population" (HOLLANDER/WOLFE 1973, S. 67). Diese Hypothese deckt sich mit der H_0-Hypothese.

Durchführung eines U-Tests:
Eine Rangliste der zu vergleichenden Daten wird erstellt.
Die Summe der Ränge pro Stichprobe wird als R_1 (für die kleinere Stichprobe) und R_2 (für die größere Stichprobe) bezeichnet.
Der Stichprobenumfang der kleineren Stichprobe wird n_1 und der der größeren Stichprobe n_2 genannt.
Der gesuchte U-Wert wird folgendermaßen berechnet:

$$U = n_1 * n_2 + \frac{n_1 * (n_1 + 1)}{2} - R_1$$

Demzufolge gilt für U':

$$U' = n_1 * n_2 + \frac{n_2 * (n_2 + 1)}{2} - R_2$$

oder:

$$U' = n_1 * n_2 - U$$

"Statt des Vergleichs der Überschreitungswahrscheinlichkeit mit der Irrtumswahrscheinlichkeit (kann) auch der Vergleich des berechneten Wertes der Prüfgröße mit einem kritischen Wert verwendet werden" (CLAUß/EBNER 1976, S. 228).

Zum Vergleich wird der kleinere Wert von U und U' benutzt. Das bedingt, daß H_0 zurückgewiesen wird, wenn der berechnete U-Wert (U_b) kleiner oder gleich einem entsprechenden Tabellenwert U_t ist.

Der Tabellenwert für die Verwerfung der H_0-Hypothese wird in der Regel bei einseitiger Fragestellung für eine Irrtumswahrscheinlichkeit von 2.5 % ermittelt. Der Tabellenwert für die Annahme der H_0-Hypothese (Verwerfung der H_1-Hypothese) wird dagegen auf dem 5 % Niveau ermittelt, da so die Güte einer vergleichenden Beurteilung verbessert wird.

Nach diesem Verfahren sind alle experimentell ermittelten Daten zu vergleichen, die folgende Bedingungen erfüllen:

- n_1: $1 \leq n_1 \leq 20$
- n_2: $9 \leq n_2 \leq 20$
- nichtparametrisch: d.h. die Annahmen, daß die Grundgesamtheit beider Stichproben normalverteilt und daß die Varianzen beider Stichproben homogen sind, sind für die Auswertung nicht von Bedeutung.

Der Test ist "konservativ", d.h. die Hypothese H_0 wird eher angenommen als bei parametrischen Tests, zumindest wenn die Stichproben nicht normalverteilt sind.

Demzufolge ist die Testgüte bei signifikanten Unterschieden beider Stichproben höher als bei den üblichen parametrischen Tests.

Da beide Stichprobenumfänge in die Berechnung eingehen, kann ausgeschlossen werden, daß unterschiedliche Schülerzahlen einen signifikanten Unterschied bedingen.

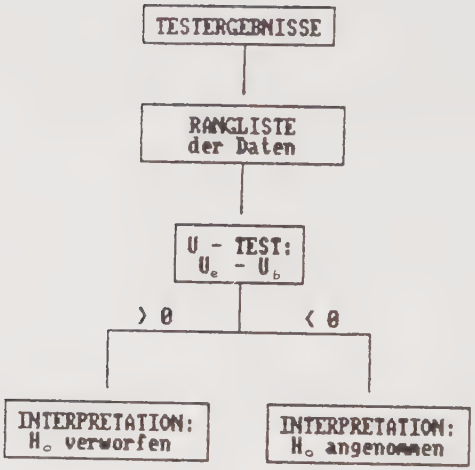


Abb. 6.25
Verlauf der statistischen Auswertung beim Vergleich zweier Stichproben
U_e : erwarteter Wert (= Tabellenwert)
U_b : beobachteter Wert (= aus den Stichprobendaten ermittelt)
H_o : Hypothese: Grundgesamtheiten gelten als gleich

6.3.1. VERGLEICH: KURS (COMPUTER-SIMULATIONEN) - KURS (MODELLE UND FOLIEN)

● Darstellung:

1. Test:
Beim 1. Test gelten die Grundgesamtheiten als annähernd gleich, da der errechnete U-Wert (U_b = 55) größer als der Tabellenwert (U_a = 51) ist (s. Abb. 6.26 und 6.27).
Auf dem 5 % Niveau ist somit kein signifkanter Unterschied feststellbar.

2. Test:
U_b ist kleiner als U_a . Demzufolge besteht zwischen beiden Kursen ein signifikanter Unterschied.

3. Test:
Auch beim 3. Test ergibt sich ein signifkanter Unterschied auf dem 2.5. % Niveau ($U_a > U_b$ s. Abb. 6.26 und 6.27).

Nachtest I:
Die Ergebnisse des 1. Nachtests unterscheiden sich signifikant ($U_a > U_b$ s. Abb. 6.26 und 6.27).

Nachtest II:
Auch beim 2. Nachtest besteht mit einer Irrtumswahrscheinlichkeit von 2.5 % ein signifikanter Unterschied zwischen beiden Kursen ($U_a > U_b$ s. Abb. 6.26 und 6.27).

● Interpretation:

Nur beim 1. Test muß die H_0-Hypothese angenommen werden. Bei allen anderen Tests sind die Unterschiede auf dem 2.5 % Niveau signifikant.

Mögliche Gründe für das Vergleichsresultat des 1. Tests können nur gefunden werden, wenn die Resultate der beiden übrigen Vergleichsgruppen (AKGk - AEGLk und AEGGk - AEGLk) hinzugezogen werden:

- Der Unterschied zwischen AKGk und AEGLk ist bezüglich des 1. Tests nicht signifikant (vgl. Kapitel 6.3.2.).
- Der Unterschied zwischen AEGGk und AEGLk ist signifikant (vgl. Kapitel 6.3.3.).

Interpretiert man diese Resultate im Hinblick auf den Vergleich von AKGk - AEGGk, so kann zweierlei festgestellt werden:

- Die Leistungen von AKGk und AEGLk entsprechen sich weitgehend (U_E ist sehr viel größer als $U_=$ s. Abb. 6.28 und 6.29).
- Der AEGLk lieferte bessere Lernleistungen als der AEGGk (s. Abb. 6.30 und 6.31).

Demzufolge ist die These plausibel, daß der AKGk zwar bessere Leistungen als der AEGGk erbracht hat, diese aber aufgrund der strengen Kriterien des MANN-WITHNEY-Tests (s.o.) keinen signifikanten Unterschied ergaben.

Da der Vorgang der kontinuierlichen und diskontinuierlichen Replikation sehr komplex ist, ist eine Ergänzung der Simulation durch z.B. Folien (wie im Leistungskurs eingesetzt) erforderlich.

Die Vergleichsresultate des 2. und 3. Tests ergaben eine signifikant bessere Lernleistung des Kurses, der mit Hilfe des Mediums "Computer-Simulation" unterrichtet wurde als die Vergleichsgruppe.

Beide Nachtests wurden von den Schülern des AKGks besser gelöst als von der Vergleichsgruppe. Demnach hat das Medium "Computer-Simulation" nicht nur eine höhere Lern- sondern auch eine höhere Gedächtnisleistung bewirkt.

Test:	Wert: U_r	U_e	H_0
1. Test	55	51	5.0*
2. Test	28	29	2.5
3. Test	32.5	39	2.5
4. Nachtest I	17.5	31	2.5
5. Nachtest II	31.5	41	2.5

Abb. 6.26
In dieser Tabelle sind die Ergebnisse des Vergleichs zwischen einem Grundkurs des Antonius-Kollegs (mit Computer) und einem Grundkurs des Albert-Einstein-Gymnasiums (ohne Computer) zusammengefaßt:
U_r : beobachteter U-Wert (real) ;
U_e : erwarteter U-Wert (theoretisch) ;
H_0 : Signifikanzniveau, auf dem die Hypothese H_0 verworfen wird, d.h. zwischen beiden Kursen besteht ein signifikanter Unterschied;
* : Signifikanzniveau, auf dem die Hypothese H_0 angenommen wird, d.h. zwischen beiden Kursen besteht kein signifikanter Unterschied

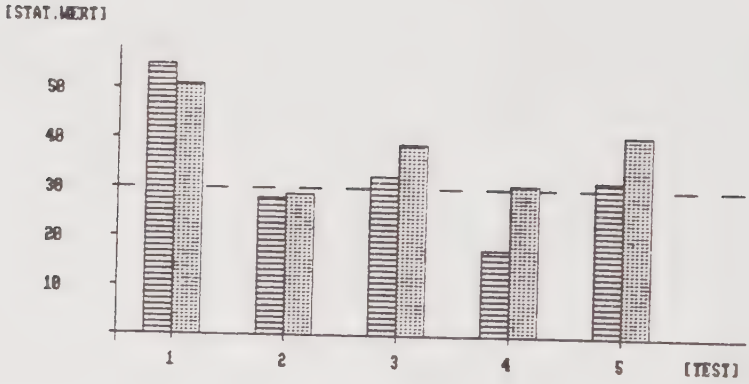


Abb. 6.27
Die Ergebnisse des statistischen Vergleichs zwischen AKGk und AEGGk pro Test sind grafisch dargestellt (vgl. Abb. 6.26)
schraffiert: beobachteter U-Wert (U_b)
gepunktet : erwarteter U-Wert (U_e)
Ist der schraffierte Balken höher als der gepunktete, so wird die Hypothese H_0 angenommen.
Ist der gepunktete Balken höher als der schraffierte, so wird die Hypothese H_0 verworfen.

6.3.2. VERGLEICH: KURS (COMPUTER-SIMULATIONEN) - KONTROLLKURS

- Darstellung:

1.Test:
Der berechnete U-Wert ist höher als der erwartete. Mit einer Irrtumswahrscheinlichkeit von 5 % besteht damit kein signifikanter Unterschied zwischen den Leistungen beider Kurse.

2. Test:
Auch beim 2. Test konnte kein signifikanter Unterschied festgestellt werden ($U_{b} > U_{e}$ s. Abb. 6.28 und 6.29).

3. Test:
Da der berechnete U-Wert höher als der erwartete Tabellenwert ist (s. Abb. 6.28 und 6.29), besteht kein signifikanter Unterschied zwischen den Lernleistungen beider Kurse.

Nachtest I:
Beim 1. Nachtest wurde auf dem 5. % Niveau kein signifikanter Unterschied ermittelt ($U_{b} > U_{e}$ s. Abb. 6.28 und 6.29).

Nachtest II:
Auch der 2. Nachtest ergab keinen signifikanten Unterschied zwischen den Lernleistungen beider Kurse ($U_{b} > U_{e}$ s. Abb. 6.28 und 6.29).

● Interpretation:

Bei allen Tests muß die Hypothese H_0 auf dem 5 % Niveau angenommen werden, d.h. es liegt kein signifikanter Unterschied zwischen beiden Kursen vor.
Das Medium "Computer-Simulation" bedingte hier also gleichartige Lern- und Gedächtnisleistungen in Grund- und Leistungskurs.
Die additive Verwendung von Modellen im Leistungskurs hat keine Leistungssteigerung ergeben.

Test:	Wert: U_b	U_e	H_0
1. Test	95	62	5.0
2. Test	85	51	5.0
3. Test	73.5	58	5.0
4. Nachtest I	84	51	5.0
5. Nachtest II	80	68	5.0

Abb. 6.28
In dieser Tabelle sind die Ergebnisse des Vergleichs zwischen einem Grundkurs des Antonius-Kollegs (mit Computer) und einem Leistungskurs des Albert-Einstein-Gymnasiums (Kontrollgruppe) zusammengefaßt:
U_b : beobachteter U-Wert (real) ;
U_e : erwarteter U-Wert (theoretisch) ;
H_0 : Signifikanzniveau, auf dem die Hypothese H_0 angenommen wird, d.h. zwischen beiden Kursen besteht kein signifikanter Unterschied

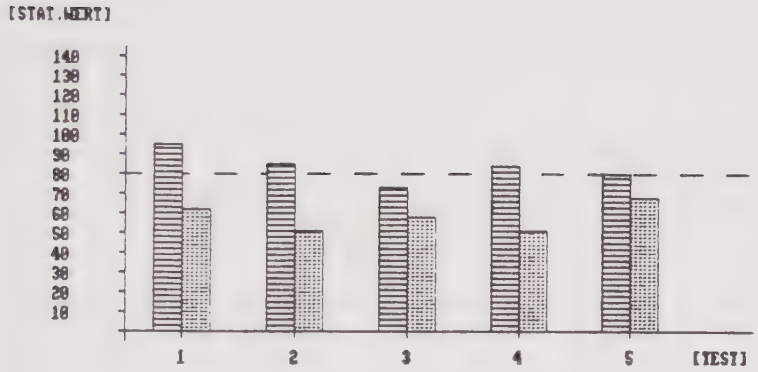


Abb. 6.29
Die Ergebnisse des statistischen Vergleichs zwischen AKGk und AEGLk pro Test sind grafisch dargestellt (vgl. Abb. 6.28)
schraffiert: beobachteter U-Wert (U_b)
gepunktet : erwarteter U-Wert (U_e)
Ist der schraffierte Balken höher als der gepunktete, so wird die Hypothese H_0 angenommen.
Ist der gepunktete Balken höHer als der schraffierte, so wird die Hypothese H_0 verworfen.

6.3.3. VERGLEICH: KURS (MODELLE UND FOLIEN) - KONTROLLKURS

Darstellung:

Voraussetzung für einen statistischen Vergleich mit Hilfe des U-Tests ist, daß die Stichproben unabhängig sind. Das ist nicht von vorne herein anzunehmen, da Kontakte zwischen Schülern einer Schule nicht auszuschließen sind.
Die Testergebnisse differieren jedoch so stark, daß eine Einflußnahme auszuschließen ist.

1. Test:
Der berechnete U-Wert liegt deutlich unter dem Tabellenwert (s. Abb. 6.30 und 6.31). Demnach besteht ein signifikanter Unterschied zwischen den Testergebnissen.

2. Test:
Es besteht ein signifikanter Unterschied auf dem 2.5 % Niveau, da U_b kleiner als $U_\bullet$ ist (s. Abb. 6.30 und 6.31).

3. Test:
Die Resultate des 3. Tests unterscheiden sich ebenfalls signifikant auf dem 2.5 % Niveau ($U_b < U_\bullet$ s. Abb. 6.30 und 6.31).

Nachtest I:
Mit einer Irrtumswahrscheinlichkeit von 2.5 % besteht ein signifikanter Unterschied zwischen den Resultaten beider Kurse, da der berechnete U-Wert kleiner als der Tabellenwert ist (s. Abb. 6.30 und 6.31).

Nachtest II:
Auch der 2. Nachtest ergibt einen signifikanten Unterschied auf dem 2.5 % Niveau ($U_b < U_\bullet$ s. Abb. 6.30 und 6.31).

● Interpretation:

Die Kopplung von Computer-Simulationen mit Modellen haben zu einem deutlich erkennbaren Leistungsunterschied gegenüber der Gruppe geführt, die nur mit Hilfe von Modellen unterrichtet wurde.
Die Gedächtnisleistung war im AEGLk ebenfalls signifikant besser.

Test:	Wert: U_b	U_e	H_0
1. Test	56.5	105	2.5
2. Test	41	57	2.5
3. Test	82	85	2.5
4. Nachtest I	31.5	78	2.5
5. Nachtest II	58	67	2.5

Abb. 6.30
In dieser Tabelle sind die Ergebnisse des Vergleichs zwischen einem Leistungskurs des Albert-Einstein-Gymnasiums (Kontrollgruppe) mit einem Grundkurs des Albert-Einstein-Gymnasiums (ohne Computer) zusammengefaßt:
U_b : beobachteter U-Wert (real) ;
U_e : erwarteter U-Wert (theoretisch) ;
H_0 : Signifikanzniveau, auf dem die Hypothese H_0 verworfen wird, d.h. zwischen beiden Kursen besteht ein signifikanter Unterschied

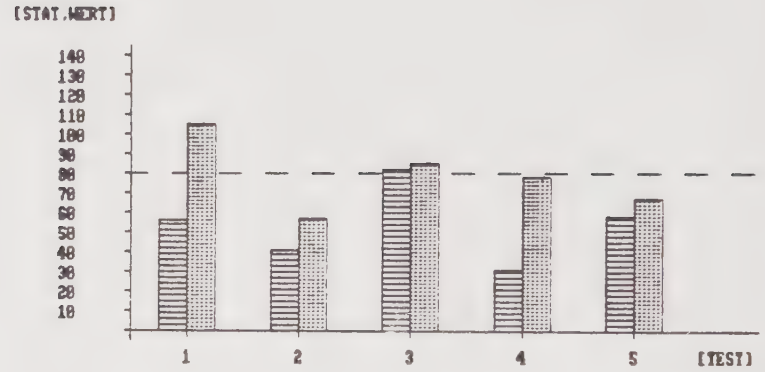


Abb. 6.31
Die Ergebnisse des statistischen Vergleichs zwischen AEGLk und AEGGk pro Test sind grafisch dargestellt (vgl. Abb. 6.30)
schraffiert: beobachteter U-Wert (U_b)
gepunktet : erwarteter U-Wert (U_e)
Ist der schraffierte Balken höher als der gepunktete, so wird die Hypothese H_0 angenommen.
Ist der gepunktete Balken höher als der schraffierte, so wird die Hypothese H_0 verworfen.

6.3.4. ZUSAMMENFASSUNG DER VERGLEICHENDEN TESTERGEBNISSE

Der Vergleich beider Grundkurse hat ergeben, daß der Kurs, bei dem Computer-Simulationen eingesetzt wurden, signifikant höhere Lern- und Gedächtnisleistungen erreicht hat als der andere Kurs, bei dem nur Modelle und Folien eingesetzt wurden (Ausnahme: Test zum Thema "Replikation" s. Kapitel 6.3.1.).

Der Vergleich zwischen dem Grundkurs, der ohne Computer-Simulationen unterrichtet wurde, und dem Leistungskurs bei dem alle Medien (Simulationen, Modelle und Folien) eingesetzt wurden, ergab in allen Tests signifikant höhere Lern- und Behaltensleistungen der Leistungskursschüler gegenüber den Grundkursschülern.

Der Vergleich des Grundkurses, der mit Computer-Simulationen unterrichtet wurde, mit dem Leistungskurs, im dem zusätzlich zu den Simulationen noch Modelle und Folien verwendet wurden, ergab keinen signifikanten Unterschied bezüglich der Lern- und Gedächtnisleistung.

In der Tabelle Abb. 6.32 und in der Grafik Abb. 6.33 sind die Signifikanzniveaus aller Vergleiche noch einmal zusammengefaßt.

Schulen/Tests	1.	2.	3.	4.	5.
AKGk - AEGGk	5.0 % ns	2.5 % s	2.5 % s	2.5 % s	2.5 % s
AKGk - AEGLk	5.0 % ns	5.0 % ns	5.0 % ns	5.0 % ns	5.0 % ns
AEGGk - AEGLk	2.5 % s	2.5 % s	2.5 % s	2.5 % s	2.5 % s

Abb. 6.32
Vergleichsergebnisse zwischen den verschiedenen Kursen pro Test:
Es werden jeweils die Irrtumswahrscheinlichkeiten für die Verwerfung oder die Annahme der Hypothese H_0 angegeben.
Ob die Hypothese angenommen oder verworfen wird, ist durch die Bezeichnung ´s´ oder ´ns´ kenntlich gemacht.
´s´ bedeutet : signifikant, d.h. H_0 wird verworfen - es besteht ein Unterschied in der Leistung beider Kurse.
´ns´ bedeutet : nicht signifikant, d.h. H_0 wird angenommen - es besteht kein Unterschied in der Leistung beider Kurse.

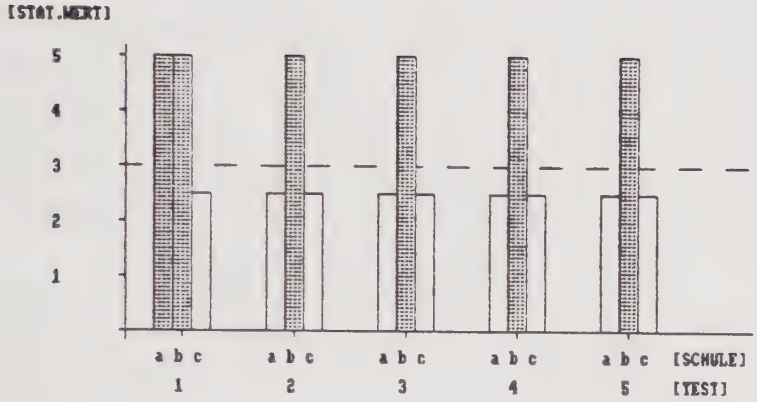


Abb. 6.33
Grafische Darstellung der Vergleichsergebnisse zwischen den verschiedenen Kursen pro Test
Die Irrtumswahrscheinlichkeit für die Hypothese H_0 wird in Prozenten angegeben.
a : Vergleich AKGk - AEGGk
b : Vergleich AKGk - AEGLk
c : Vergleich AEGGk - AEGLk
weiß : Die Hypothese H_0 wird auf dem angezeigten Signifikanzniveau verworfen, d.h. es besteht ein signifikanter Unterschied in der Leistung beider Kurse.
gepunktet : Die Hypothese H_0 wird auf dem angezeigten Signifikanzniveau angenommen, d.h. es besteht kein signifikanter Unterschied in der Leistung beider Kurse.

7. ZUSAMMENFASSUNG

Die vorhandenen molekulargenetischen Modelle und Filme, die heute im Unterricht eingesetzt werden, weisen zahlreiche sachliche und didaktische Mängel auf. Damit war die didaktische Notwendigkeit für die Konzeption und Konstruktion neuer molekulargentischer Medien gegeben.

Es wurden vom Autor neue Modelle, Folien und Computer-Simulationen entwickelt. Diese wurden in der Sekundarstufe II alternativ erprobt und auf ihre Effizienz untersucht.

Es hat sich gezeigt, daß Schüler der 12. Jahrgangstufe höhere Lern- und Gedachtnisleistungen erbringen, wenn komplexe, dynamische Prozesse durch Computer-Simulationen veranschaulicht werden. Betont werden muß, daß sich die Untersuchungsergebnisse lediglich auf die unterrichtliche Behandlung des Themenbereichs "Molekulargenetik" beziehen. Inwieweit diese Aussage für andere Themenbereiche des Biologieunterrichts gelten kann, müssen zukünftige Untersuchungen ergeben. Das vorliegende Ergebnis bestätigt jedenfalls die Hypothese, daß Computer-Simulationen grundsätzlich komplexe Vorgänge besser veranschaulichen als andere Medien (Modelle, Folien).

Generell fällt bei der Analyse der Untersuchungsergebnisse auf, daß die verschiedenen Teilbereiche der Molekulargenetik (DNA-Replikation, Translation, Regulation der Transkription) durch unterschiedliche Leistungssteigerung gekennzeichnet sind.

Aufgrund dessen ist eine Unterscheidung zwischen Simulationen mit und ohne Schüleraktivität, hinsichtlich ihrer Effektivität, möglich:

- Simulationen mit Schüleraktivität:
  Wird eine Simulation, die Schüleraktivität fordert, zur Lösung eines sachlichen Problems eingesetzt, so sind die Lern- und Gedächtnisleistungen signifikant höher als beim Einsatz von Modellen und Folien: Eine additive Verwendung anderer Medien bewirkte im Teilbereich "Translation" keine meßbare Verbesserung.

- Simulationen ohne Schüleraktivität:
  Je komplexer die Simulation ist, desto eher wird die additive Verwendung zusätzlicher Medien erforderlich, wenn eine höhere Lern- und Gedächtnisleistung erbracht werden soll:
  Die Simulation zur" DNA-Replikation" beinhaltete die meisten sachlichen Details. Durch die Verwendung zusätzlicher Medien konnten somit die Lern- und Gedächtnisleistungen der Schüler gesteigert werden.
  Die eingesetzten Simulationen zur "Regulation der Transkription" enthielt dagegen wesentlich weniger Fakten und Wechselwirkungen. Additiv verwendete Medien bewirkten hier keine meßbare Leistungssteigerung.

8. LITERATURVERZEICHNIS

AEBLI, H. : Psychologische Didaktik, Stuttgart, 6. Aufl. 1976

AEBLI, H. : Kognitive Systeme als Tiefenstrukturen des Denkens. in: AEBLI, H., MONTADA, L., STEINER G.: Erkennen, Lernen, Wachsen: Zur pädagogischen Motivationstheorie, zur Lernpsychologie und zur kognitiven Entwicklung, Stuttgart, 1975

ALBERTS, B. et al. : Molecular Biology of the Cell, New York-London, 1984

ALLEN, W.H. : Medium Stimulus and Types of Learning. in: AUDIOVISUAL INSTRUCTION, Vol. 12, 1967, S. 27-31

ANGERMEIER, W.F.; BEDNORZ, P.; SCHUSTER, M. : Lernpsychologie, München-Basel, 1984

ANTENBRINK, H. : Unterricht als Determinante menschlichen Lernens, Weinheim-Basel, 1973

ARMBRUSTER, B.; HERTKORN, O. (Hrsg.) : Materialien zur Mediendidaktik, Eine Schriftenreihe des Kultusministers von NRW: Allgemeine Mediendidaktik, Köln, 1978

AUSUBEL, D.P. : Psychologie des Unterrichts, Bd. 1, Weinheim-Basel, 1974

BAAKE, D. : Kommunikation und Kompetenz. Grundlegung einer Didaktik der Kommunikation und ihrer Medien, München, 1973

BALZER, W. : Empirische Theorien: Modelle-Strukturen-Beispiele, Braunschweig-Wiesbaden, 1982

BARTEL, H. : Statistik II, Stuttgart, 1972

BAUER, E.W. (Hrsg.) : CVK Biologiekolleg, Berlin, 1981

BAYER, A.v. : Medien + Bildung Bd. 3: Medienplanung für Unterricht und Ausbildung, Grafenau, 1983

BECKER, R. S.; WENTWORTH, W.E. : Allgemeine Chemie, Bd. III, Stuttgart, 1976

BELLNER, H. : Zur Gültigkeitsbestimmung diskreter Simulationsmodelle. Vortragsmanuskript Workshop "Methodik der rechnergestützten Simulation", Karlsruhe 1973

BENESCH, H. : Der Ursprung des Geistes, München, 1980

BENSE, M. : Einführung in die informationstheoretische Ästhetik. Grundlegung und Anwendung in der Texttheorie, Hamburg, 1969

BERCK, K.-H.; DÖHL, J.; KLEE, R. (Hrsg.) : Lebendige Welt 2, Braunschweig, 1983, S. 118-119

BERTALANFFY, L.v. : General System Theory. Foundations, Development, Applications, New York, 1972

BIRETT, H. : Funktionsmodelle: Versuche zur biologischen Nachrichtenverarbeitung, Frankfurt/Main-Berlin-München, 1974

BLANKERTZ, H. : Theorien und Modelle der Didaktik, München, 10. Aufl. 1977

BLOOM, B.S. (Hrsg.) : Taxonomie von Lernzielen im kognitiven Bereich, Weinheim 1974

BÖCKER, H.-D. : Intelligenter CUU und Lernumgebungen - Wege des Rechnerunterstützten Lernens in die Zukunft ? in: LOG IN 3/1982, S. 31-33

BÖNSCH, M. (Hrsg.) : Unterricht mit audiovisuellen Medien, Donauwörth, 1973

BONNE, L. : Lernpsychologie und Didaktik, Weinheim-Basel, 1978

BORTZ, J. : Lehrbuch der Statistik. Für Sozialwissenschaftler, Berlin-Heidelberg, 1979

BRAUN, L. : Digital Simulation in Education New York, 1971

BRAUSE, H.; SCHRÖDER, H. : AV-Medien für Schule und Ausbildung, Hannover, 1981

BREIDENBACH, W. : Rechnen in der Volksschule, Hannover, 13. Aufl. 1963

BRENTANO, F. : Psychologie vom empirischen Standpunkt, 1. Bd., 1874, neu hrsg. von KRAUS, O., Hamburg, 1955

BRESCH, C.; HAUSMANN, R. : Klassische und molekulare Genetik, Berlin-Heidelberg-New York 3. Aufl. 1972

BRETZ, R. : A Taxonomy of Communication Media, Englewood Cliffs, 1971

BREUER, K. : Computerunterstütztes Lernen auf der Basis eines Informationsprogramms. Dissertation, Aachen, 1979

BREUER, K. : Zur lehr-lerntheoretischen Grundlegung der computerunterstützten Unterweisung. in: LOG IN 3/1982, S. 11-14

BRUNER, J.S. : Der Prozeß der Erziehung, Berlin, 1970

BRUNNSTEIN, K., HAEFNER, K. HANDLER, W. (Hrsg.) : Rechner-gestützter Unterricht, Berlin - Heidelberg - New York, 1974

BUNDESMINISTERIUM FÜR BILDUNG UND WISSENSCHAFT : Förderungsvorhaben des BMBW: Neue Informations- und Kommunikationstechniken. unveröffentl. Liste, Bonn, 1985

BUND-LÄNDER-KOMMISSION FÜR BILDUNGSPLANUNG UND FORSCHUNGSFÖRDERUNG : Rahmenkonzept für die informationstechnische Bildung in Schule und Ausbildung einschließlich der Mindestanforderungen an schulgeeignete Rechner. unveröffentl. Manuskript, Bonn, 1985

CLAUß, G.; EBNER, H. : Grundlagen der Statistik, Thun-Frankfurt/Main, 2. Aufl. 1976

CZAYKA, C. : Systemwissenschaft, Pullach, 1974

DALE, E. : Audiovisual Methods in Teaching New York, 3. Aufl. 1969

DARNELL jr., J.E. : RNA. in: SPEKTRUM DER WISSENSCHAFT 12/85, S. 64-76

DAUMER, K. : Genetik, München, 1980

DICHANZ, H.; KOLB, G : Mediendidaktik - Entwicklung und Tendenzen. in: DICHANZ, H. et al. : Medien im Unterrichtsprozeß. Grundlagen, Probleme, Perspektiven, München, 1974

DICHANZ, H.; KOLB, G (Hrsg.) : Unterrichtstheorie und Medienpraxis, Stuttgart, 1979

DICKERSON, R.E. : Die Feinstruktur der DNA-Helix. in: SPEKTRUM DER WISSENSCHAFT, 2/1984, S. 78-95

DIETRICH, G. und AUTORENKOLLEKTIV : Methodik Biologieunterricht, Berlin, 1976

DÖRNER, D.; REITHER, F. : Über das Problemlösen in sehr komplexen Realitätsbereichen. in: ZEITSCHRIFT F. EXPERIMENTELLE UND ANGEWANDTE PSYCHOLOGIE 25, 1978, S. 527-551

DÖRNER, D.; KREUZIG, H.W.; STÄUDEL, T. : Lohhausen. 2. Bericht, Unveröff. Manuskript des DFG-Forschungsprojektes "Systemdenken" (Do 200/2), Gießen, 1978

DÖRNER, D. : Mängel menschlichen Denkens beim Umgang mit komplexen Systemen. in: HALBACH, U.; LEHMANN, J.; SCHILKE, K.: Lernspiele in der Umwelterziehung, Weinheim-Basel, 1982

DOHMEN, G. : Medienwahl und Medienforschung im didaktischen Problemzusammenhang. in: UNTERRICHTSWISSENSCHAFT 2/3, 1973, S. 2-26

DOOLITTLE, R.F. : Proteine. in: SPEKTRUM DER WISSENSCHAFT 12/85, S. 78-88

DÜKER, H.; TAUSCH, R. : Über die Wirkung der Veranschaulichung von Unterrichtsstoffen auf das Behalten. in: WEINERT, F. (Hrsg.): Pädagogische Psychologie, Köln-Berlin, 1966

DÖKER, H. : Veranschaulichung und Unterrichtserfolg. in: DÖRING, K.W. (Hrsg.): Lehr- und Lernmittelforschung, Weinheim, 1971

DWYER, F.M. : An experimental evaluation of the relative effectiveness of selected visual illustrations, Ann Arbor, Michigan, 1968

DWYER, F.M. : A guide for improving visualized instruction, State College, Pennsylvania, 1972

DYLLA, K. : Ansätze zu einem problemorientierten Biologieunterricht auf der gymnasialen Oberstufe der Sekundarstufe II, in: PRAXIS DER NATURWISSENSCHAFTEN 2/1980, S. 42-52

EBELING, H.; WACKER, H. : Anschauen, behandeln, begreifen Hannover, 4.Aufl. 1971

EBERL, W.; MOESCHLIN, O. : Wahrscheinlichkeitstheorie und Statistik II. unveröffentl. Manuskript der Fernuniversität Hagen, 1980

ECCLES, J. C. : Das Gehirn des Menschen, München,1975

EDLING, J.V. : Media Technology and Learning Processes. in: LOUGHARY J.W. (Hrsg.): Man Machines Systems in Education, New York, 1966

EINSIEDLER, W. : Lehrstrategien und Lernerfolg, Weinheim, 1976

EINSIEDLER, W. : Faktoren des Unterrichts, Donauwörth, 1978

EMSHOFF, J.R.; SISSON, R.L. : Simulation mit dem Computer, München, 1972

ESCHENHAGEN, D.; KATTMANN, U.; RODI, D. : Fachdidaktik Biologie, Köln, 1985

ESSER, H. : Der Biologieunterricht. Inhalte - Strukturen - Verfahren, Hannover, 1978

ESSLER, W.K. : Wissenschaftstheorie II, Freiburg-München, 1971

FELS, G. : Klassische Genetik. Molekulargenetik, Stuttgart 1981

FELSENFELD, G. : DNA. in: SPEKTRUM DER WISSENSCHAFT 12/85, S. 50-63

FISCHER, E. P. : Unser Gehirn - Teil I. in: BILD DER WISSENSCHAFT 1/1985, S. 40-50

FISCHER, G. : Das Lösen komplexer Problemaufgaben durch naive Benutzer mit Hilfe des interaktiven Programmierens. Dissertation, Hamburg, 1977

FISZ, M. : Wahrscheinlichkeitsrechnung und mathematische Statistik, Berlin, 1980

FLEMMING, M.L. : Wahrnehmungsprinzipien für das Entwerfen von Lehrmaterial. in: Institut für Film und Bild (Hrsg.): AV-Forschung, Bd. 13, München, 1975

FORRESTER, J.W. : Der teuflische Regelkreis, Stuttgart, 1972

FREIBICHLER, H. (Hrsg.) : Computerunterstützter Unterricht, Hannover, 1974

FRITSCH, H. : Studium und Berichte zum Fernstudium im Medienverbund Bd. 7: Medien im Hochschulunterricht, Tübingen, 1974

FRÖHLICH, A. : Die auditiven, visuellen und audiovisuellen Unterrichtsmittel, Basel, 1974

GAGNE, R.M. : Die Bedingungen des menschlichen Lernens, Hannover, 1969

GARTEN, H.K. (Hrsg.) : Diagnose von Lernprozessen, Braunschweig, 1977

GERHARDT, A. et al. : Biologie des Menschen, München, 1983

GILBERT, W.; MÜLLER-HILL, B.: The lac Operator is DNA. in: PROC. NATL. ACAD. SCI., 58/1967 S. 2415 ff.

GONICK, L.; WHEELIS, M. : Genetik in Cartoons. Pareys Studientexte, Berlin - Hamburg, 1985

GOOS, G.; HARTMANIS, J. (HRSG.) : Lecture Notes in Computer Science 17: Rechner-Gestützter Unterricht. RGU '74, Fachtagung Berlin - Heidelberg - New York, 1974

GROLLE, J. : Führt die Revolution der Informationstechnik zu einer neuen Bildungskrise ? in: LOG IN 2/1984, S. 31-34

GRUPE, H. : Biologie-Didaktik, Köln, 1971

GUILFORD, J.P. : Drei Aspekte der intellektuellen Begabung. in: WEINERT, F. (Hrsg.): Pädagogische Psychologie, Köln, 1970

GUTSCHMIDT, F. et al. : Bildungstechnologie und Curriculum, Hannover, 1974

HAFNER, L.; HOFF, P. : Materialien für die Sekundarstufe II Biologie, Genetik, Hannover, 1984

HAGEMANN, W.; TULODZIECKI, G. : Einführung in die Mediendidaktik, Köln, 3. Aufl. 1980

HALBACH, U. : Modelle in der Biologie. in: NATURWISSENSCHAFTLICHE RUNDSCHAU 27, Heft 8, 1974, S. 293-305

HALBACH, U. : Modelle und Modellvorstellungen in der Biologie. in: FALKENHAN, H.H. (Hrsg.): Handbuch der praktischen und experimentellen Schulbiologie, Köln, 1979

HARBORDT, S. : Computersimulation in den Sozialwissenschaften, Reinbeck b. Hamburg, 1974

HECKHAUSEN, H. : Förderung der Lernmotivation und der intellektuellen Tüchtigkeiten. in: ROTH, H. (Hrsg.) Begabung und Lernen, Stuttgart, 1969

HEGEL, G.W.F. : Enzyklopädie der philosophischen Wissenschaften im Grundriß, 1817
neu hrsg. von NICOLIN, F.; PÖGGELER, O., Hamburg, 1959

HEIDT, E.U. : Medien und Lernprozesse, Weinheim-Basel, 1976

HEIMANN, P.; OTTO, G.; SCHULZ, W. : Unterricht - Analyse und Planung, Hannover, 1965

HELLER, K. (Hrsg.) : Leistungsbeurteilung in der Schule, Heidelberg, 2. Aufl. 1975

HILGARD, P.R.; BOWER, G.H. : Theorien des Lernens, Bd. 1, Stuttgart, 2. Aufl. 1971

HILLE, R. : Über die Notwendigkeit der Vermittlung von heuristischen Strategien an der Hochschule, insbesondere bei Computer-Simulationen komplexer Systeme. in: SIMON, H. (Hrsg.), 1978

HILLE, R. : Denk- und lernpsychologische Aspekte von Unterrichtseinheiten zur Computer-Simulation und Modellbildung. in: SIMON, H. (Hrsg.), 1980

HOBERG, G. (Hrsg.) : Modelle - Modellvorstellungen. Anregungen für die naturwissenschaftliche Unterrichtspraxis, Heidelberg, 1976

HOFF, P.; JAENICKE, J.; MIRAM, W. (Hrsg.) : Biologie heute 2G, Hannover, 1985

HOLLANDER, M.; WOLFE, D.A. : Nonparametric Statistical Methods, New York-London-Sydney-Toronto, 1973

ISSING, L.J.; KNIGGE-ILLNER, H. (Hrsg.) : Unterrichtstechnologie und Mediendidaktik, Weinheim, 1976

JACOB, F.; MONOD, J. : Genetic regulatory Mechanism in the Synthesis of Proteins. in: JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY 3/1961, S. 318 ff.

JOHANSSON, I. : Meilensteine der Genetik, Hamburg-Berlin, 1980

KAIER, E. : Lehren, Lernen und Computer, Stuttgart, 1977

KANT, I. : Kritik der reinen Vernunft, 1781,
neu hrsg. von SCHMIDT, R., Leipzig, 2. Aufl. 1924

KARLSON, P. : Kurzes Lehrbuch der Biochemie, Stuttgart-New York,12.Aufl.1984

KATTMANN, U. : Biologiedidaktik - angewandte Biologie oder angewandte Didaktik ? in: RODI, D.; BAUER, E. W. (Hrsg.): Biologiediaktik als Wissenschaft, Köln, 1980

KATTMANN, U. : Wert und Unwert empirischer Untersuchungen für die Verbesserung des Biologieunterrichts. in: UNTERRICHT BIOLOGIE 85/1983 S. 41-43

KAUDEWITZ, F : Genetik, Stuttgart, 1983

KILLERMANN, W. : Empirische Untersuchungen zur Lerneffektivität von Medien, speziell Unterrichtsfilmen. in: RODI, D.; BAUER, E.W. (Hrsg.): Biologiedidaktik als Wissenschaft, Köln, 1980

KILLERMANN, W.; SCHMID, B. : Empirische Untersuchungen zu Unterrichtsverfahren des Faches Biologie, speziell zum Medieneinsatz. in: HEDEWIG, R.; STAECK, L. (Hrsg.): Biologieunterricht in der Diskussion, Köln, 1984

KIRCHER, E. : Bemerkungen zur Modellbildung und zum Modellbegriff. in: LOG IN 1/1983, S. 12-15

KIRSCH, W. : Über den Einsatz von Computersimulationen im Chemieunterricht. Staatliches Institut für Lehrerfortbildung, Heft Nr. II. 10, Saarbrücken, 1985

KLAMBT, D.; HEITMANN, I. : Grundriß der Molekularbiologie Stuttgart, 1979,

KNIPPERS, R. : Molekulare Genetik, Stuttgart, 3. Aufl. 1982

KNODEL, H. (Hrsg.) : Studienreihe Biologie Bd.1: Genetik und Molekularbiologie, Stuttgart, 2. Aufl. 1980

KÖCK, P. : Didaktik der Medien, Donauwörth 1974

KÖHLER, H. : Computer als Herausforderung zur Sklavenarbeit ? Fragen zur Computerwelt und mögliche Reaktionen durch allgemeinbildende Schulen. in: DER MATHEMATISCHE UND NATURWISSENSCHAFTLICHE UNTERRICHT 1/1985, S. 1-9 und 2/1985, S. 65-73

KÖNIG, E.; RIEDEL, H. : Systemtheoretische Didaktik, Weinheim, 1973

KOLB, G. : Kommunikationstheoretische ÜBerlegungen zu einer Mediendidaktik. in: UNTERRICHTSWISSENSCHAFT 2/3, 1973, S. 63-70

KOLLMANN, A. : Studienbücher Biologie: Einführung in die Genetik, Frankfurt a. M., 2. Aufl. 1979

LAKE, J.A. : Ribosomen: die Proteinfabriken der Zelle. in: SPEKTRUM DER WISSENSCHAFT 10/81, S. 68-85

LEHMANN, J.; PORTELE, G. : Simulationsspiele in der Erziehung, Weinheim, 1976

LEHNINGER, A.L. : Biochemie, Weinheim, 2. Aufl. 1977

LEICHT, W.-H.; HOCHMUTH, K. : Eine empirische Untersuchung über die Effektivität von Tonfilm und Lichtbild im Biologieunterricht. in: NATURWISSENSCHAFT IM UNTERRICHT 3/1979, S. 65-67

LENK, H. (Hrsg.) : Pragmatische Philosophie, Hamburg, 1975

LOMPSCHER, J. (Hrsg.) : Theoretische und experimentelle Untersuchungen zur Entwicklung geistiger Fähigkeiten, Berlin, 1972

LORBEER, W. : Computer in der Schule ? , München, 1979

MAGER, R.F. : Lernziele und Unterricht, Weinheim, 17. Aufl. 1973

MARTENS, B. : Ansätze und Probleme der Computersimulation im Unterricht. Diplomarbeit, Berlin, 1976

MARTENS, B. : Computer-Simulation im Didaktik-Modell. in: SIMON, H. (Hrsg.), 1978

MAYER, R.E. : Denken und Problemlösen, Berlin -Heidelberg-New York, 1979

McKENZIE, J.; ELTON, L.B.R.; LEWIS, R. (Hrsg.) : Interactive Computer Graphics in Science Teaching, New York, 1978

MEMMERT, W. : Grundfragen der Biologie-Didaktik, Essen, 6. Aufl. 1979

MEYER, H.L. : Trainingsprogramm zur Lernzielanalyse, Königstein/Ts. , 9. Aufl. 1979

MOSTLER, G.; KRUMWIEDE, D.; MEYER, G. : Methodik und Didaktik des Biologieunterrichts, Heidelberg, 1975

MÜLLER, : Heuristische Hinweise zum Lösen thermodynamischer Aufgaben. in: WISSENSCHAFTL. ZEITSCHRIFT DER TU DRESDEN 1974, S. 84-87

NACHTIGALL, W. : Einführung in biologisches Denken und Arbeiten, Heidelberg, 2. Aufl. 1978

NEBER, H. (Hrsg.) : Entdeckendes Lernen, Weinheim-Basel, 1973

NEISSER, U. : Kognitive Psychologie, Stuttgart, 1974

NEUBAUER, W. : Lehreffekte verschiedener Methoden audio-visueller Darbietung. Dissertation, Universität Kiel, 1972

NIEMEYER, G. : Kybernetische System- und Modelltheorie, München, 1977

NOMURA, M. : Die Regulation der Ribosomen-Synthese. in: SPEKTRUM DER WISSENSCHAFT, 3/1984, S. 92-105

NUTHALL, G.; SNOOK, I. : Modelle des Lehrens. in: LOSER, F.; TERHART, E. (Hrsg.): Theorien des Lernens, Stuttgart 1977

OERTER, R. : Psychologie des Denkens, Donauwörth, 2. Aufl. 1971

OSTERTAG, H.-P.; SPIERING, T. : Unterrichtsmedien, Technologie und Didaktik, Ravensburg, 1975

PESCHKE, R. : Neue Medien und Schule - eine Schenkung der achtziger Jahre ? in: LOG IN 2/1984, S. 17-26

PIAGET, J. : Psychologie der Intelligenz, Zürich-Stuttgart, 4. Aufl. 1970

PICK, B. : Biologiedidaktik zwischen Fachwissenschaft und allgemeiner Didaktik, Köln, 1981

POPP, W. : Die Funktion von Modellen in der didaktischen Theorie. in: DUHEM, P.; MAURER, F.; POPP, W. (Hrsg.): Unterrichtsforschung und didaktische Theorie, München, 1970

POPPER, K.R. : Objektive Erkenntnis. Ein evolutionärer Entwurf, Hamburg, 1971

PTASHNE, M. : Ein Schalter für Gene. in: SPEKTRUM DER WISSENSCHAFT, 1/1983, S. 30 ff.

RASER, J.R. : Theorien, Modelle und Simulationen. in: LEHMANN, J.; PORTELE, G. (Hrsg.), 1976

REICHART, G. : Modelle im Unterricht. in: WENK K.; TROMMER, G. (Hrsg.), 1978

RICHTER, G. : Stoffwechselphysiologie der Pflanzen, Stuttgart, 4. Aufl. 1982

RIEDL, R. : Biologie der Erkenntnis, Berlin -Hamburg, 3. Aufl. 1981

RÜTHER, F. : Biologie - Biologiedidaktik - Biologieunterricht. in. BIOL. DID. 2/1978, S. 59-67

SCHAEFER, G.; TROMMER, G.; WENK, T. (Hrsg.) : Denken in Modellen, Leitthemen 2/77, Braunschweig, 1978

SCHILKE, K. : Modellversuche zu den Evolutionsfaktoren. in: UNTERRICHT BIOLOGIE, Heft 22, S. 54 ff

SCHINZLER, E. : Lernen, Behalten, Vergessen beim Unterrichten mit Film, Tonbildschau und Bildtextheft. Dissertation, Tübingen, 1975

SCHMIDT, J.W. : Bemerkungen zum Modellbegriff und zur Realisierung von Modellen. in: BRUNNSTEIN, K.; HAEFNER, K.; HÄNDLER, W. (Hrsg.), 1974

SCHMITZ, R. : Molekulargenetik: Einführung mit einem Lernprogramm. in: UNTERRICHT BIOLOGIE, 12/1977, S. 24-33

SCHNITZER, A. (Hrsg.) : Medien im Unterricht. Intention Analyse-Methode, München, 1977

SCHRIFTENREIHE DES KULTUSMINISTERS : Richtlinien Biologie für die gymnasiale Oberstufe in Nordrhein-Westfalen, Köln, 1981

SCHÜRMANN, H.-W. : Theorienbildung und Modellbildung, Wiesbaden, 1977

SIEDENTOP, W. : Methodik und Didaktik des Biologieunterrichts, Heidelberg, 1971

SIMON, H. (Hrsg.) : Simulation und Modellbildung mit dem Computer im Unterricht. Beiträge der ACU-Tagung 1/1978 Reihe: Neue Lernverfahren Bd. 1 Grafenau, 1978

SIMON, H. (Hrsg.) : Computer-Simulation und Modellbildung im Unterricht. Dateiverarbeitung/ Informatik im Bildungsbereich Bd. 3, München-Wien, 1980

SKOWRONEK, H. : Psychologische Grundlagen einer Didaktik der Denkerziehung, Hannover, 2. Aufl. 1970

SPEKTRUM DER WISSENSCHAFTEN : Gehirn und Nervensystem, woraus sie bestehen, wie sie funktionieren, was sie leisten, Heidelberg, 1985

STACHOWIAK, H. : Allgemeine Modelltheorie, Wien-New York, 1973

STACHOWIAK, H. (Hrsg.) : Modelle und Modelldenken im Unterricht, Bad Heilbrunn/Obb., 1980

STACHOWIAK, H. (Hrsg.) : Modelle, Konstruktion der Wirklichkeit, München, 1983

STAECK, L. : Medien im Biologieunterricht, Königstein/Ts., 1980

STAECK, L. : Zeitgemäßer Biologieunterricht. Eine Didaktik, Stuttgart, 3. Aufl. 1982

STAUDACHER, L. : Unterrichts-Software: Unlust an der Phantasie. in: LOG IN 2/1985, S. 8-22

STICHMANN, W. : Didaktik Biologie, Düsseldorf, 1970

STRAASS, G. : Modell und Erkenntnis, Jena, 1963

STUDIENGEMEINSCHAFT DARMSTADT : Biologie: Molekulargenetik, Pfungstadt, 1982

SUCHMAN, J.R. : Fragetraining: Aufbau von Fertigkeiten zur selbständigen Entdeckung. in: NEBER, H. (Hrsg.), 1973

TAWNEY, D.A. (Hrsg.) : Learning through Computers, London, 1979

TAYLOR,J.L. : Simulationsspiele im Unterricht Ravensburg, 1974

TODT, D. (Hrsg.) : Funkkolleg Biologie, Weinheim, 1973

TOSTI, D.T.; BALL, J.R. : A Behavioral Approach to Instructional Design and Media Selection. in: AV COMMUNICATION REVIEW, Vol. 17, 1969, S. 5-25

ULLMANN, S. : The Principles of Semantics, Oxford, 2. Aufl. 1963

VARJU, D. : Systemtheorie, Berlin, 1977

VESTER, F. : Denken, Lernen, Vergessen München, 1978

VOSS, A. : Ansätze zur Gesamtanalyse des Systems Mensch-Energie-Umwelt, Basel, 1977

WALCHER, K.P. : Eine psychologische Untersuchung der Begriffe Anschauung, Anschaulichkeit und Veranschaulichung. Dissertation, Kiel, 1974

WATSON, J.P. : Molekularbiologie des Gens, Amsterdam, 2. Aufl. 1975

WEDEKIND, J. : Unterrichtsmedium Computersimulation. Reihe: Neue Lernfahren Bd. 11, Weil der Stadt, 1981

WEDEKIND, J. : Lernwege zu neuen Modellen von Natur. in: FRIEDRICH JAHRESHEFT III: Bildschirm, Seelze, 1985, S. 164 ff.

WEINBERG, R. A. : Molekulare Grundlagen von Krebs. in: SPEKTRUM DER WISSENSCHAFTEN, 1/1984, S. 58-71

WENK, T.; TROMMER, G. (Hrsg.) : Unterrichten mit Modellen. Leitthemen 2/78, Braunschweig 1979

WERNER, H. : Biologie in der Curriculumdiskussion, München, 1973

WIESER, W. : Organismen, Strukturen, Maschinen, Frankfurt, 1959

WILLGEROTH, H. : Computereinsatz in allen Fächern ? in: LOG IN 4/1984, S. 23-30

WINDE, P. : Menschliches Bewußtsein und Erziehungswissenschaft. in: PRAXIS DER NATURWISSENSCHAFTEN, 9/1981, Köln, S. 257 - 267

WINDE, P. : "Denkbilder" oder neues Begreifen. Computersimulation in der Biologie. in: FRIEDRICH JAHRESHEFT III: Bildschirm, Seelze, 1985, S. 166-171

WOLF, K. : westermann - colleg Biologie, Braunschweig, 2. Aufl. 1984

WUNDT, W. : Grundriß der Psychologie, Leipzig, 1896

ZIELINSKI, J. : Der Computer als Instrument im individualisierten Unterrichtsprozeß, Köln, 1971

Mein besonderer Dank gilt Herrn Prof. Dr. Rüther für die Überlassung des Themas und für die freundliche Betreuung und Beratung während der Arbeit. Ebenso möchte ich Herrn Prof. Dr. Klämbt für seine konstruktive Kritik danken.